

UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

ALINE ABREU ALVES

PROGENFX – ANÁLISE DE SEQUÊNCIA GENÉTICA

CURITIBA

2013

ALINE ABREU ALVES

PROGENFX – ANÁLISE DE SEQUÊNCIA GENÉTICA

Trabalho apresentado à disciplina de Trabalho de Conclusão de Curso, do curso Especialização em Engenharia de Software, como requisito à obtenção do título de especialista em Engenharia de software, Setor Escola Técnica da Universidade Federal do Paraná.

Orientador: Prof. MsC Rafael Romualdo Wandressen

CURITIBA

2014

TERMO DE APROVAÇÃO

ALINE ABREU ALVES

O DESENVOLVIMENTO DE UM APLICATIVO WEB PARA ANÁLISE DE SEQUÊNCIA GENÉTICA UTILIZANDO O RATIONAL UNIFIED PROCESS COMO PROCESSO DE ENGENHARIA DE SOFTWARE

Monografia apresentada como requisito parcial para a obtenção da titulação de especialista, pelo Curso de Pós-Graduação Lato Sensu em Engenharia de Software, da Universidade Federal do Paraná, pela seguinte banca examinadora:



Orientador: Professor Rafael Romualdo Wandresen

Curitiba, 13 de março de 2014

Dedico esse trabalho a biofísica Rosalind Franklin (1920 -1958), que não teve o devido reconhecimento do seu trabalho na compreensão da estrutura do DNA.

Resumo

Esse trabalho apresenta o desenvolvimento do sistema ProGenFx que consistem em análise e comparação de sequências genéticas. O alinhamento de DNA foi escolhido como foco deste trabalho, por possuir a característica de organizar e identificar regiões similares que possam ter consequências funcionais, estruturais e evolucionárias entre as sequências. O alinhamento será global, ou seja, em toda sequência genética ou local, em uma parte definida pelo usuário do sistema. O sistema irá armazenar as sequências analisadas pelo usuário, possibilitando uma posterior consulta das sequências cadastradas no sistema. Uma vez cadastrada o usuário poderá realizar a simulação da comparação entre outra sequência, a replicação da fita simples de DNA e a transcrição de DNA em RNA. Para o desenvolvimento deste sistema foi escolhido a metodologia RUP, por usar a abordagem da orientação a objetos em sua concepção e é projetada e documentada utilizando a notação UML (Unified Modeling Language). Dentre as tecnologias escolhidas para a codificação da aplicação foram utilizadas as linguagens de programação Java Web, JSF, PrimeFaces 4.0 e SQL Server. Por ser uma aplicação interativa que requer flexibilidade a arquitetura utilizada para o desenvolvimento é o MVC (Model, View e Control).

Palavras-chaves: DNA, Alinhamento de Sequências

Abstract

This document shows the development of ProGenFx system consisting of analysis and comparison of gene sequences. The alignment of DNA was chosen as the focus of this work, because it has the characteristic to organize and identify similar regions that may have functional, structural and evolutionary consequences between the sequences. The alignment will be global, ie, across local or genetic sequence in a user-defined part of the system. The system will Stores the sequences analyzed by the user, allowing a subsequent query sequences registered in the system. A registered user can instead perform the simulation comparing another sequence, the replication of single-stranded DNA and transcription of DNA into RNA. To develop this system was chosen RUP methodology, by using the object-oriented approach in its design and is designed and documented using UML (Unified Modeling Language) notation. Among those chosen for encoding application technologies languages Java Web, JSF, PrimeFaces 4.0 and SQL Server programming were used. Being an interactive application that requires flexibility the architecture used for the development is the MVC (Model, View and Control).

Keywords: DNA, Sequence Alignment.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1: Ácidos Nucléicos (SOBIOLOGIA, 2013).....	20
Figura 2: Composição dos Ácidos Nucléicos (SOBIOLOGIA, 2013)	21
Figura 3: Desenho do Trabalho do Watson e Crick representando a estrutura de um DNA.....	24
Figura 4: Estrutura de hélice dupla formada por fosfato-desoxirribose.....	23
Figura 5: Transcrição e Tradução	27
Figura 6: Alinhamento	29
Figura 7: Detalhamento de uma Sequência Genética	29
Figura 8 - Detalhamento de uma Sequência	30
Figura 9 - Detalhamento de uma Sequência	30
Figura 10 - Detalhamento de uma Sequência	30
Figura 11: Login	45
Figura 12: Login Usuário.....	46
Figura 13: Login Senha.....	46
Figura 14: Login Validação.....	47
Figura 15: Botão Troca de Senha	47
Figura 16: Troca de Senha.....	48
Figura 17: Troca de Senha Validação	49
Figura 18: Troca de Senha Sucesso	49
Figura 19: Home	50
Figura 20: Menu Home	50
Figura 21: Menu Cadastro de Usuário	51
Figura 22: Menu Cadastro de Sequência	51
Figura 23: Menu Importar Sequência	51
Figura 24: Menu Alinhamento	52
Figura 25: Menu Sair.....	52
Figura 26: Cadastro de Usuário	53
Figura 27: Novo Usuário	53

Figura 28: Cadastro de usuários – Botões	53
Figura 29: Ativar/Desativar usuário a	54
Figura 30: Ativar/Desativar usuário b	54
Figura 31: Usuário Detalhes.....	55
Figura 32: Cadastro de Sequência.....	56
Figura 33: Pesquisar Sequência a	57
Figura 34: Pesquisar Sequência b	58
Figura 35: Pesquisar Sequência c.....	58
Figura 36: Salvar Sequência	59
Figura 37: Arquivo FASTA	59
Figura 38: Importar Sequência	60
Figura 39: Selecionar Sequência	60
Figura 40: Importar Sequência – Validar	61
Figura 41: Tela de Alinhamento - Opções	62
Figura 42: Consultar Sequência	63
Figura 43: Opção Alinhamento.....	63
Figura 44: Alinhar.....	64
Figura 45: Opções	64
Figura 46: Gráfico Alinhamento.....	64
Figura 47: Tela Alinhamento – Opções	65
Figura 48: Replicar.....	65
Figura 49 – Gráfico Replicar	66
Figura 50: Transcrição	67
Figura 51 -Diagrama de Classes de Análise.	72
Figura 52 - Diagrama Entidade-Relacionamento	73
Figura 53 - Diagrama Lógico do Banco de Dados	76
Figura 54 - Diagrama Lógico do Banco de Dados.....	76
Figura 55 - Diagrama de Caso de Uso	77
Figura 56 - Tela Login – Manter Login	78
Figura 57 - Tela Principal - Manter Login	79
Figura 58 - Tela Trocar Senha – Manter Login.	79
Figura 59 - Diagrama de caso de Uso Negocial – Manter Login	82

Figura 60 - Diagrama de Sequência – Manter Login	82
Figura 61 - Diagrama de Sequência – Fluxo Alternativo	
A1 – Manter Login.....	83
Figura 62 - Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo	
– A2 – Manter Login.....	83
Figura 63 - Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo	
– A3 – Manter Login.....	84
Figura 64 - Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo	
– A4 – Manter Login.....	84
Figura 65 - Diagrama de Classe – Manter Login	85
Figura 66 - Diagrama de Banco de dados – Manter Login	85
Figura 67 - Tela Principal – Manter Usuário.	86
Figura 68 - Tela de Cadastro de usuário – Manter Usuário	87
Figura 69 - Diagrama de Caso de Uso Negocial – Manter Usuário	90
Figura 70 - Diagrama de Sequência – Manter Usuário.....	90
Figura 71 - Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo	
– A1 – Manter Usuário	91
Figura 72 - Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo	
– A1 – Manter Usuário	91
Figura 73 - Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo	
– A1 – Manter Usuário	91
Figura 74 - Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo	
– A1 – Manter Usuário	92
Figura 75 - Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo	
– A1 – Manter Usuário	92
Figura 76 - Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo	
– A2 – Manter Usuário	93
Figura 77 - Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo	
– A3 – Manter Usuário	93
Figura 78 - Diagrama de Classe – Manter Usuário	94
Figura 79 - Diagrama de Banco de Dados – Manter Usuário	94
Figura 80 - Tela Login – Manter Sequência	95

Figura 81 - Tela Principal – Manter Sequência.....	96
Figura 82 - Tela Principal do Cadastro de Sequência – Manter Sequência	97
Figura 83 - Tela Pesquisar – Manter Sequência	98
Figura 84 - Diagrama de Sequência – Manter Sequência	100
Figura 85 - Diagrama de Sequência. Fluxo Principal – Manter Sequência..	101
Figura 86 - Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo – A1 – Manter Sequência.....	102
Figura 87 - Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo – A2 – Manter Sequência.....	102
Figura 88 - Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo – A3 – Manter Sequência.....	103
Figura 89 - Diagrama de Atividade – Manter Sequência	104
Figura 90 - Diagrama de Classe – Manter Sequência	104
Figura 91 - Diagrama de Banco de Dados – Manter Sequência.....	105
Figura 92 - Tela Login – Importar Sequência	106
Figura 93 - Tela Principal – Importar Sequência	107
Figura 94 - Tela principal: Importar Sequência – Importar Sequência	108
Figura 95 - Detalhes Arquivo FASTA – Importar Sequência.....	111
Figura 96 - Diagrama de Caso de Uso Negocial – Importar Sequência	111
Figura 97 - Diagrama de Sequência: Fluxo Principal – Importar Sequência.....	112
Figura 98 - Diagrama de Sequência: Fluxo Alternativo – A1 – Importar Sequência.....	113
Figura 99 - Diagrama de Sequência: Fluxo Alternativo – A2 – Importar Sequência.....	113
Figura 100 - Diagrama de Classe – Importar Sequência	114
Figura 101 - Diagrama de Banco de Dados – Importar Sequência.....	114
Figura 102 - Tela Login. Fonte – Alinhar Sequência	115
Figura 103 - Tela Login – Alinhar Sequência	116
Figura 104 - Tela principal: Alinhar Sequência – Alinhar Sequência	117
Figura 105 - Tela Alinhamento – Alinhar Sequência	118

Figura 106 - Diagrama de Caso de Uso Negocial – Alinhar Sequência.	119
Figura 107 - Diagrama de Sequência. Fluxo Principal	
– Alinhar Sequência.....	121
Figura 108 - Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo	
– A1 – Alinhar Sequência.....	122
Figura 109 - Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo	
– A2 – Alinhar Sequência.....	122
Figura 110 - Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo	
– A3 – Alinhar Sequência.....	123
Figura 111 - Diagrama de Classe – Alinhar Sequência	123
Figura 112 - Diagrama de Banco de Dados – Alinhar Sequência.....	124
Figura 113 - Tela Login – Replicar Sequência.....	125
Figura 114 - Tela Principal – Replicar Sequência.....	126
Figura 115 - Tela principal: Replicar Sequência – Replicar Sequência	127
Figura 116 - Gráfico – Replicar Sequência – Replicar Sequência	128
Figura 117 - Diagrama de Caso de Uso Negocial – Replicar Sequência.....	130
Figura 118 - Diagrama de Sequência – Fluxo Principal	
– Replicar Sequência	131
Figura 119 - Diagrama de Sequência – Fluxo Alternativo	
– A1 – Replicar Sequência.....	132
Figura 120 - Diagrama de Sequência – Fluxo Alternativo	
– A2 – Replicar Sequência.....	132
Figura 121 - Diagrama de Sequência – Fluxo Alternativo	
– A3 – Replicar Sequência.....	133
Figura 122 - Diagrama de Classe – Replicar Sequência	133
Figura 123 - Diagrama de Banco de Dados – Replicar Sequência.....	134
Figura 124 - Tela Login – Transcrição de Sequência	135
Figura 125 - Tela Principal – Transcrição de Sequência	135
Figura 126 - Tela Principal: Transcrição de Sequência	
– Transcrição de Sequência.....	137
Figura 127 - Diagrama de Caso de Uso Negocial	
– Transcrição de Sequência.....	140

Figura 128 - Diagrama de Sequência – Fluxo Principal – Transcrição de Sequência.....	141
Figura 129 - Diagrama de Sequência – Fluxo Alternativo – A1 – Transcrição de Sequência	142
Figura 130 - Diagrama de Sequência – Fluxo Alternativo – A2 – Transcrição de Sequência	142
Figura 131 - Diagrama de Sequência – Fluxo Alternativo – A3	143
Figura 132 - Diagrama de Classe – Transcrição de Sequência.....	143
Figura 133 - Diagrama de Banco de Dados – Transcrição de Sequência ...	144
Figura 134 – WBS.....	160
Figura 135 – WBS.....	161
Figura 136 – WBS.....	162
Figura 137 – WBS.....	163
Figura 138 – WBS.....	164
Figura 139 – WBS.....	165
Figura 140 – WBS.....	166
Figura 141 – Cronograma	167

LISTA DE TABELAS

Tabela 1: Composição do DNA	23
Tabela 2: Composição do RNA	25
Tabela 3: Relação de Riscos	35
Tabela 4: Peso dos Atores	37
Tabela 5: Peso dos Casos de Uso	37
Tabela 6: Total de Pesos não ajustados dos atores	37
Tabela 7: Total de Pesos não ajustados nos Casos de Uso	38
Tabela 8: Fator de Complexidade Técnica	39
Tabela 9: Fator de complexidade Ambiental	40
Tabela10:Tabela de Risco	178

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

ProGenFx	- Nome do Sistema: Programa de Genética utilizando Java.
DNA	- Ácido Desoxirribonucléico.
RNA	- Acido Ribonucléico.
UML	- (Unified Modeling Language).
JSF	- JavaServer Faces.
SQL	- Structured Query Language.
MVC	- Model, View e Control.
RUP	- Rational Unified Process (ou Processo Unificado Rational).
UC00X	- Use Case número X.
TPNAA	- Total de pesos não ajustados dos atores.
TPNAUC	- Total de Pesos não ajustados nos Casos de Uso.
PCUNA	- Pontos por Caso de Uso não ajustados.
FCT	- Fator de Complexidade Técnica.
FCA	- Fator de Complexidade Ambiental.
RPM	- Rotações por minuto.
MHz	- Megahertz.
GNU	- General Public License.
HTML	- HyperText Markup Language.
XML	- eXtensible Markup Language.
JSP	- JavaServer Pages.
URL	- Uniform Resource Locator.
TAGs	- Linguagem de Marcação.3D - Três Dimensões.

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	17
1.1 CONTEXTUALIZAÇÃO	17
1.2 JUSTIFICATIVA DO PROJETO	18
1.3 OBJETIVOS	18
1.1.1 Objetivo Geral	18
1.1.2 Objetivos Específicos	19
1.4 ORGANIZAÇÃO DO PROJETO	19
2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	20
2.1 ÁCIDOS NUCLÉICOS	20
2.2 ÁCIDO DESOXIRRIBONUCLEICO (DNA)	21
2.3 TIPOS DE NUCLEOTÍDEOS	24
2.3.1 Purinas	24
2.3.2 Pirimidinas	24
2.4 ÁCIDO RIBONUCLEICO (RNA)	25
2.4.1 Tipos de RNA	25
2.5 TRANSCRIÇÃO	26
2.6 REPLICAÇÃO	28
2.7 ALINHAMENTO DE SEQUÊNCIA	28
2.8 ARQUIVO FASTA	31
2.9 CONSIDERAÇÕES FINAIS	32
3 METODOLOGIA	33
3.1 RUP	33
3.2 PLANO DE ATIVIDADES	34
3.3 RESPONSABILIDADE	34
3.4 PLANO DE RISCOS	35
3.4.1 Lista de Riscos	35
3.5 PLANO DE CUSTOS	36
3.6 MATERIAIS	41
3.6.1 Linguagem de programação Java	41
3.6.2 Java Web	42

3.6.3 JSF	42
3.6.4 Primefaces	42
3.6.5 TomCat	43
3.6.6 BioJava	43
3.6.7 Microsoft SQL Server 2012	44
4 APRESENTAÇÃO DO SOFTWARE	45
4.1 OBJETIVO	45
4.2 TELAS DO SOFTWARE	45
5 CONSIDERAÇÕES FINAIS	68
5.1 SUGESTÕES DE TRABALHOS FUTUROS	68
REFERÊNCIAS	69
APENDICE – DOCUMENTAÇÃO DO SOFTWARE	72
DIAGRAMAS UML	72
DOCUMENTO DE VISÃO	74
VISÃO GERAL DO PRODUTO	75
DIAGRAMA CONCEITUAL DO BANCO DE DADOS	76
DIAGRAMA LÓGICO DO BANCO DE DADOS	76
DIAGRAMA DE CASO DE USO	77
ESPECIFICAÇÃO DE CASO DE USO	78
UC001 – MANTER LOGIN	78
UC002 – MANTER USUÁRIO	86
UC003 – MANTER SEQUÊNCIA	95
UC004 – IMPORTAR SEQUÊNCIA	106
UC005 – ALINHAR SEQUÊNCIA	115
UC006 – REPLICAR SEQUENCIA	125
UC007 – TRANSCRIÇÃO DE SEQUENCIA	135
COMANDOS SQL DO SISTEMA	145
DOCUMENTAÇÃO DO PROJETO	160
CRONOGRAMA DO PROJETO	167

1 INTRODUÇÃO

Nos últimos tempos a necessidade do autoconhecimento tem se intensificado. A busca constante da longevidade, da melhora da qualidade de vida tem sido uns dos principais objetivos dos estudiosos. A ciência juntamente com a informática tem um papel fundamental nesse paradigma.

A união da ciência com a informática, nasce a Bioinformática, que nada mais é do que a aplicação de técnicas de informática na análise de dados biológicos. (MALAJOVICH, 2011, p. 80)

1.1 Contextualização

O DNA é uma molécula limitada e finita. Possui um número máximo de combinações, ou seja, conseguimos fazer o mapeamento de possíveis doenças, de curas para enfermidades, de anomalias genéticas entre outros.

O projeto ProGenFx é um auxiliador para esses passos. Com essa ferramenta, um professor poderá aplicar na disciplina de Ciências biológicas, no conteúdo de Biologia Moléculas como está escrito no Parâmetro Curricular Nacional para Ensino Médio:

O desenvolvimento da Genética e da Biologia Molecular, das tecnologias de manipulação do DNA e de clonagem traz à tona aspectos éticos envolvidos na produção e aplicação do conhecimento científico e tecnológico, chamando à reflexão sobre as relações entre a ciência, a tecnologia e a sociedade. Conhecer a estrutura molecular da vida, os mecanismos de perpetuação, diferenciação das espécies e diversificação intraespecífica, a importância da biodiversidade para a vida no planeta são alguns dos elementos essenciais para um posicionamento criterioso relativo ao conjunto das construções e intervenções humanas no mundo contemporâneo. (MEC, 2013, p.14-15)

O professor poderá demonstrar em sua aula como funciona a Transcrição de DNA na formação do RNA, como funciona um alinhamento para maximizar o score, como os nucleotídeos se unem as bases nitrogenadas formando a dupla hélice.

1.2 Justificativa do Projeto

O projeto surgiu do interesse em biologia molecular e na informática da autora. Fazendo algumas pesquisas, verificou-se a falta de software com tais funcionalidades para o objetivo didático na plataforma web.

Um dos propósitos da bioinformática é a análise de dados biológicos em um curto espaço de tempo. A utilização do processamento computacional consegue resultado muito mais rápido que experimentos realizados apenas pelo homem sem a intervenção de uma máquina nessa análise. O interesse em um software capaz de fazer tal análise de sequencias, em ambiente web foi o diferencial na escolha desse projeto.

1.3 OBJETIVOS

1.3.1 Objetivo Geral

Desenvolver um sistema web de análise e sequenciamento genético para fins didático.

1.3.2 Objetivos Específicos

1. Utilizar a metodologia RUP. Para a documentação do sistema foram utilizados os artefatos: Modelo de Caso de Uso, Diagrama de Classes, Lista de Risco, Modelo de Dados

2. Desenvolver um programa ProGenFx por meio da linguagem de programação Java.

1.4 ORGANIZAÇÃO DO PROJETO

Este trabalho é composto por cinco capítulos, incluindo este que é a sua introdução. O segundo capítulo discute alguns conceitos sobre sequenciamento genético descrevendo os aspectos que foram estudados para o desenvolvimento desse projeto. O terceiro capítulo apresenta a metodologia utilizada e o planejamento. Ainda, descreve as tecnologias e bibliotecas utilizadas. O quarto capítulo engloba o planejamento inicial do programa e a apresentação da sua interface final, servindo como documentação de uso do mesmo. O quinto capítulo aborda a observação do grupo acerca dos desafios encontrados e a reflexão a respeito das técnicas escolhidas.

2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

2.1 ÁCIDOS NUCLEÍCOS

Os ácidos nucleicos são moléculas com extensas cadeias carbônicas, formadas por nucleotídeos: um grupamento fosfórico (fosfato), um glicídio (monossacarídeo com cinco carbonos / pentoses) e uma base nitrogenada (purina ou pirimidina), constituindo o material genético de todos os seres vivos. (SOBIOLOGIA, 2013) (Figura 1).

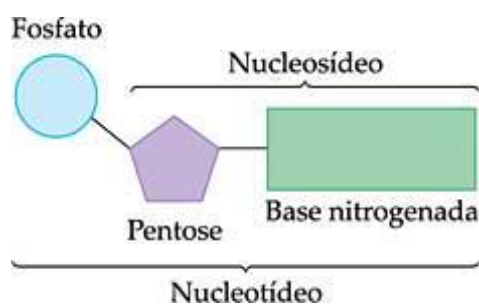


Figura 1 - Ácidos nucleicos

Disponível em http://www.sobiologia.com.br/conteudos/figuras/quimica_vida/dna2.jpg.

Acesso em: 10 Dez. 2013

Nos eucariontes ficam armazenados no núcleo das células e nos procariontes dispersos no hialoplasma (CRAIQ, 2013).

Podem ser de dois tipos: ácido desoxirribonucleico (DNA) e ácido ribonucleico (RNA), ambos relacionados ao mecanismo de controle metabólico celular (funcionamento da célula) e transmissão hereditária das características. (CRAIQ, 2013).

Segundo Malajovich, do ponto de vista químico, os ácidos nucleicos (ácido ribonucleico e desoxirribonucleico) são macromoléculas formadas a partir de unidades chamadas nucleotídeos (Figura 2). Um nucleotídeo resulta da associação mediante ligações químicas covalentes de três tipos de elementos: uma molécula de ácido fosfórico, um açúcar de cinco carbonos (pentose: ribose ou desoxirribose) e uma base cíclica nitrogenada: adenina, citosina, guanina,

timina ou uracila. Da união dos nucleotídeos mediante uniões covalentes entre as extremidades 5' e 3', formam-se cadeias.

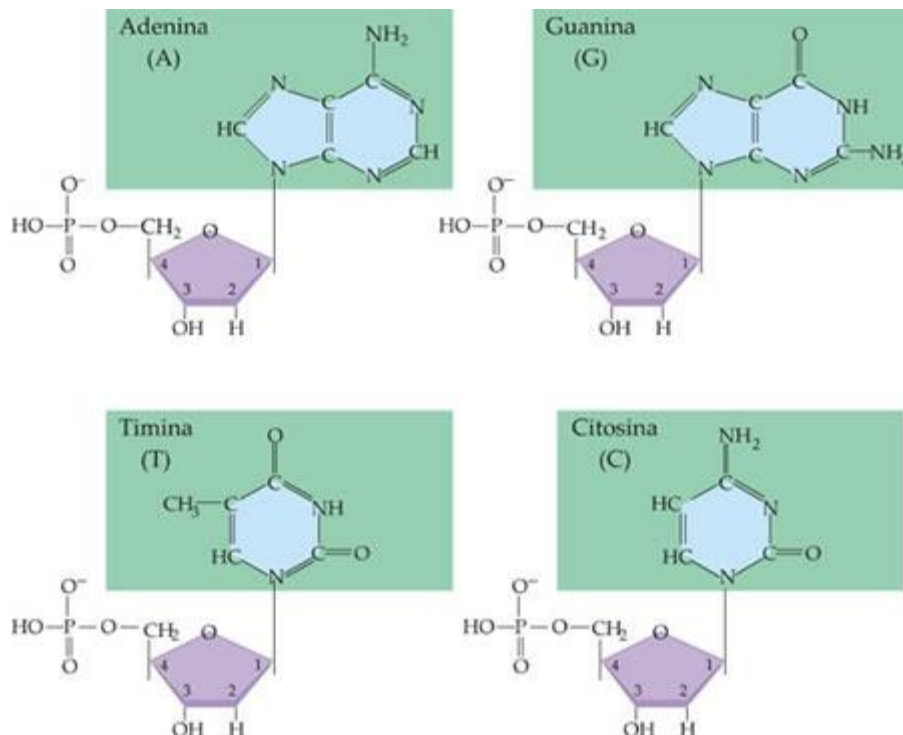


Figura 2 - Composição Ácidos Nucléicos

Disponível em http://www.sobiologia.com.br/conteudos/figuras/quimica_vida/dna2.jpg.

Acesso em: 10 Dez. 2013

2.2 Ácido Desoxirribonucleico (DNA)

O DNA é constituído por um aglomerado de moléculas que formam os nucleotídeos ou bases. É no DNA que estão as informações genéticas vitais que passam de geração em geração. O DNA coordena sua fabricação, assim como os outros componentes celulares. Durante essa fabricação, pequenas alterações podem ocorrer no DNA, que podem ter graves consequências causando assim sua destruição que poderá levar a morte celular (LOPES, 2006, p.104).

O modelo molecular do DNA foi proposto por Watson e Crick (Figura 3) em 1953. Nesse modelo, a molécula do DNA tem aspecto de “dupla hélice”, em

que os nucleotídeos dispõem-se espiraladamente em torno de um eixo. Essa é a estrutura secundária do DNA: a estrutura primária corresponde à sequência linear de nucleotídeos em cada hélice (LOPES, 2006).

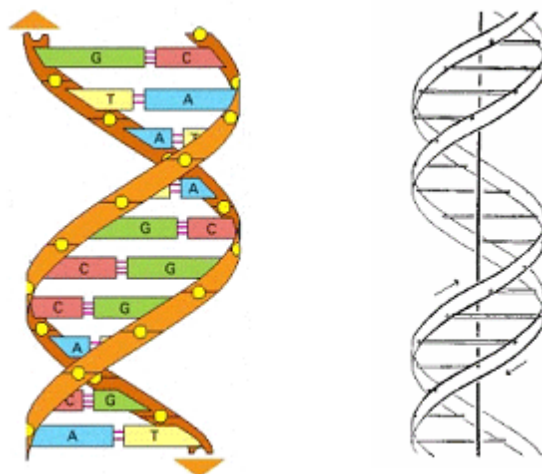


Figura 3 - Desenho do Trabalho do Watson e Crick representando a estrutura de um DNA.

Disponível em <http://hojeeuaprendo.blogspot.com.br>. Acesso em: 10 Dez. 2013

Cada uma dessas hélices ou cadeias é conhecida como *cadeia de DNA*, ou *Fita de DNA*. As ligações de hidrogênio entre as bases de nucleotídeos mantêm as duas cadeias unidas. Os nucleotídeos são compostos de açúcares com cinco carbonos, aos quais um ou mais fosfato estão ligados, e uma base contendo nitrogênio. No caso dos nucleotídeos do DNA, o açúcar é uma desoxirribose ligada a um único grupo fosfato (por isso no nome ácido desoxidoribonucleico), e a base pode ser adenina(A), citosina (C), guanina (G) ou timina (T). Os nucleotídeos estão covalentemente ligados em uma cadeia por açúcares e fosfatos, os quais formam a estrutura principal alternada de açúcar-fosfato-açúcar-fosfato, chamado de “esqueleto” (Figura 4). Como somente as bases diferentes nos quatro tipos de subunidades, cada cadeia polinucleotídica de DNA é semelhante a um colar (esqueleto) com quatro tipos de contas diferentes (as quatro bases A, C, G e T) (Tabela 1) (ALBERT, JOHNSON et al., 2010, p.263).

Tabela 1. Composição DNA. Fonte: O Autor (2013)

Composição – DNA		
Base	Sigla	Tipo
Adenina	A	Purina
Guanina	G	Purina
Citosina	C	Pirimidina
Timina	T	Pirimidina

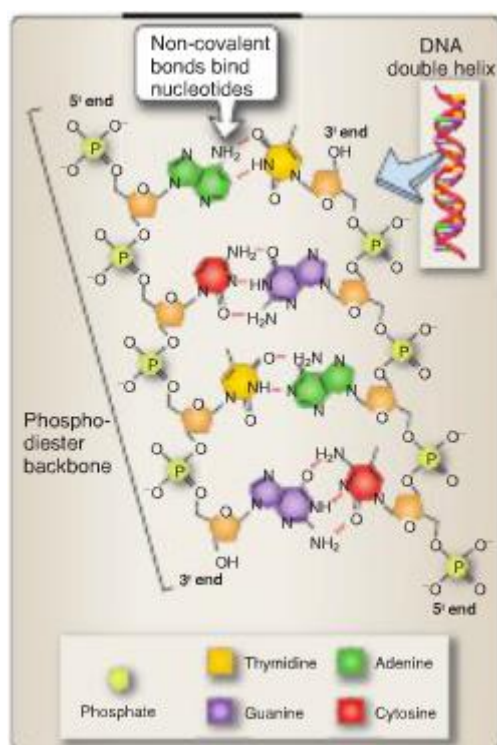


Figura 4 - Estrutura de hélice dupla formada por fosfato-desoxirribose (CHANDAR E VISELLI, 2011, p.59).

2.3 TIPOS DE NUCLEOTÍDEOS

2.3.1 Purinas

São bases nitrogenadas que compõem o nucleotídeo. Adenina (A) e Guanina (G) são purinas que, por ponte de hidrogênio, se ligam às pirimidinas Timina (T) e Citosina (C), respectivamente. Geralmente são pouco solúveis em água de pH neutro e bastante abundantes na natureza, uma vez que metade das bases do DNA são purinas. (CARDOSO, 2013).

2.3.2 Pirimidinas

São bases nitrogenadas, de estrutura heterocíclica e fórmula química $C_4H_4N_2$. Essa classe de bases é representada pela citosina (C), timina (T) e uracila (U) (CARDOSO, 2013).

Na formação da molécula de DNA e RNA, as pirimidinas se unem às purinas correspondentes através de ligações de hidrogênio, ligação denominada emparelhamento de base. As pirimidinas são moléculas menores e formadas por um único anel de carbono e nitrogênio, ao contrário das bases púricas, que são grandes e compostas de dois anéis. No DNA, aparece a timina, enquanto no RNA, temos a uracila. A diferença entre essas bases se deve à presença do grupo metila na timina, que não ocorre na uracila (CARDOSO, 2013).

A timina é a única molécula que só se encontra no DNA e é a principal estrutura que compõe esse ácido nucléico. A uracila, que substitui a timina no RNA, é uma base simples e, assim como a outra, estabelece apenas duas ligações de hidrogênio com a adenina (A), purina complementar. A citosina compõe tanto o DNA quanto o RNA e realiza três ligações de hidrogênio com a base púrica guanina (G) (CARDOSO, 2013).

2.4 Ácido Ribonucleico (RNA)

O RNA é uma molécula similar ao DNA. Possui agrupamento de bases ao longo de uma cadeia de moléculas de açúcar e fosfatos semelhantes (Tabela 2).

Tabela 2 - Composição RNA. Fonte: O Autor (2013)

Composição – RNA		
Base	Sigla	Tipo
Adenina	A	Purina
Guanina	G	Purina
Citosina	C	Pirimidina
Uracila	U	Pirimidina

A diferença entre o DNA e o RNA é o tipo de açúcar. Tanto o DNA quanto o RNA é formado por um açúcar de cinco carbonos (pentose), porém o açúcar do DNA é a desoxirribose e do RNA é a ribose. Outra característica é a presença da Uracila no RNA e da Timina no DNA (LOPES, 2006, p.106).

2.4.1 Tipos de RNA

Segundo Susan Viselli e Nalini Chandar, o RNA possui quatro tipos conhecidos: ribossomal (RNA_r), transportador (RNA_t), mensageiro (RNA_m) e micro (miRNA) cada um com estrutura de função proteica.³

- RNA ribossomal

O **RNA_r** representa aproximadamente 80% do RNA total na célula e se associa a proteínas para formar os ribossomos

- RNA transportador

O **RNA_t** é o menor dos três RNAs. Funciona na síntese proteica por sua habilidade em carregar o aminoácido apropriado, e também fornecer um mecanismo pelo qual a informação dos nucleotídeos possa ser traduzida em informação de aminoácidos.

- RNA mensageiro

O **RNA_m** representa apenas cerca de 5% do RNA total da célula. É encontrado no núcleo, onde é sintetizado, e no citoplasma, para onde se dirige orientando a síntese de proteínas.⁴

- Micro-RNA

Os **miRNAs**, como as outras moléculas de RNA, são codificados por genes e são moléculas de RNA de fita simples de cerca de 21 a 23 nucleotídeos de comprimento.

2.5 TRANSCRIÇÃO

O DNA na sua condição de molécula hereditária possui duas propriedades básicas: capacidade de replicação e a capacidade de carregar informações genéticas.

Durante o processo de transcrição o DNA é utilizado como molde para produzir a molécula de RNA. A segunda etapa é a Tradução. Na tradução o RNA é usado como molde para fazer a proteína (Figura 5) (CHANDAR e VISELLI, 2011, p.104).

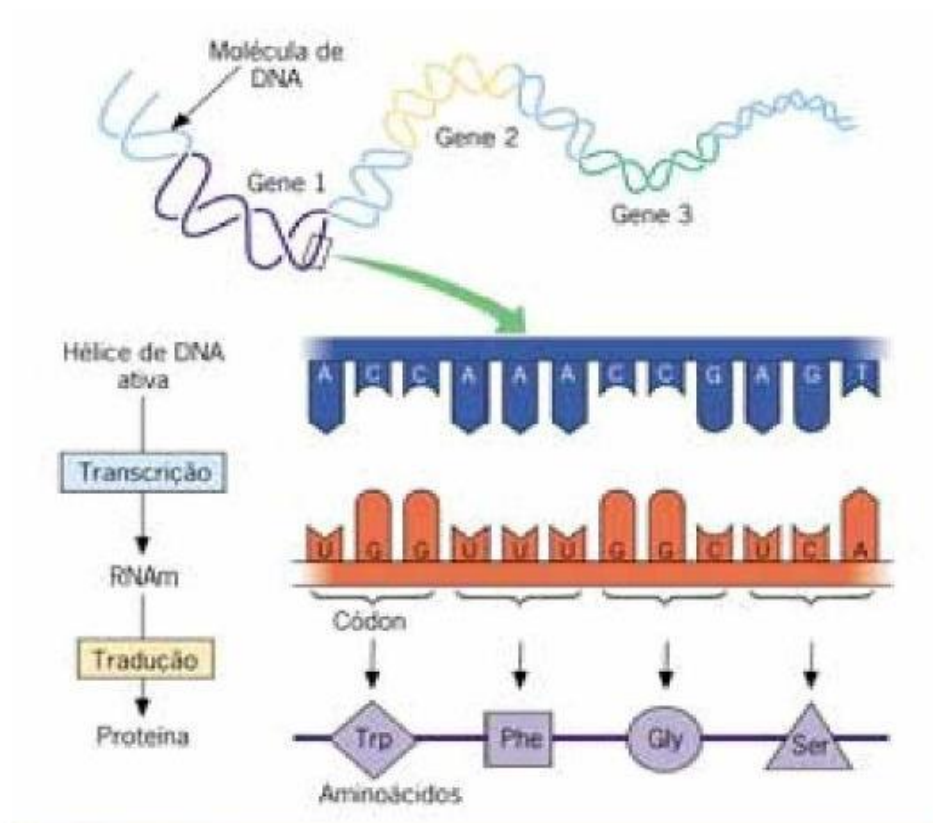


Figura 5- Transcrição e Tradução.

Disponível em: <http://www.acervoescolar.com.br/acidos-nucleicos-e-sintese-proteica>. Acesso em 11 de Dez. de 2013

A transcrição de DNA não pode ser realizada aleatoriamente, somente trechos do DNA chamados de genes podem fazer tal procedimento. O Gene é um trecho de DNA que na sua maioria codifica uma proteína.

O processo de transcrição no DNA é iniciado por uma enzima chamada RNA polimerase. A RNA polimerase procura por um trecho de DNA que antecede o gene, chamado promotor. Ela se liga ao promotor abrindo a dupla hélice percorrendo o gene e sintetizando a molécula de RNA, ou seja, coletando nucleotídeos de RNA soltos unindo uns aos outros construindo a molécula de RNA.

No final do processo o DNA volta sua forma original e a molécula de RNA está pronta (ALBERT, JOHNSON et al., 2010, p. 266). No sistema ProGenFx, na funcionalidade de Transcrição, será exemplificada através de Alinhamento, Replicação Transcrição de sequências genéticas.

2.6 REPLICAÇÃO

O ácido desoxirribonucleico (DNA) contém todas as informações necessárias para o desenvolvimento e para o funcionamento de todos os organismos. A replicação ou cópia do DNA ocorre durante a fase S, ou de síntese, do ciclo celular. Esse é um processo necessário para assegurar que as instruções do DNA sejam passadas fielmente adiante para as novas células. No núcleo da célula, os complexos de DNA e proteína conhecidos como cromatina compõem os cromossomos. Como a replicação pode ocorrer apenas a partir do molde de DNA de fita simples, o DNA de fita dupla da cromatina deve ser primeiro desenrolado. Uma vez desenroladas, ambas as fitas de DNA são copiadas simultaneamente. Esse processo necessita de proteínas para abrir mão da fita dupla do DNA, formando a forquilha de replicação (CHANDAR e VISELLI, 2011, p.260) e (ALBERT, JOHNSON et al., 2010, p. 208).

2.7 ALINHAMENTO DE SEQUÊNCIA

Segundo o laboratório Cold Spring Harbor Laboratory Press, o alinhamento de sequências é uma maneira de arranjar / organizar sequências de DNA, RNA ou proteínas para identificar regiões de similaridade oriundas de relação funcional, estrutural e evolutiva das sequências (MOUNT, 2004).

Alinhar duas sequência é colocar uma sobre a outra de modo que todos os caracteres faça correspondência com outro ou com um gap (Figura 6).



Figura 6 Alinhamento. Fonte: O Autor (2013).

O melhor alinhamento é aquele que maximiza o score, ou seja:

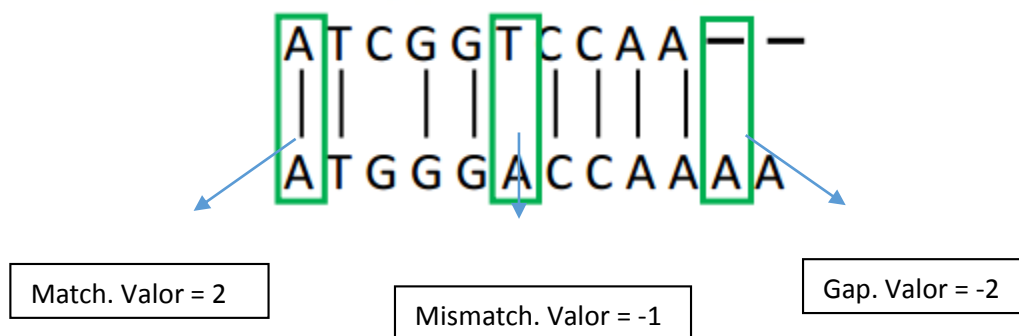


Figura 7 - Detalhamento de uma Sequência. Fonte: O Autor (2013).

Onde:

- Match: corresponde a base casadas (letras iguais);
- Mismatch: corresponde a substituições (letras diferentes);
- Gap: representa inserções e deleções entre as sequências (representado pelo caractere "-").

Score: quantidade de Match X 2 + quantidade de Mismatch X (-1) + número de Gap X (-2).

Match: 8

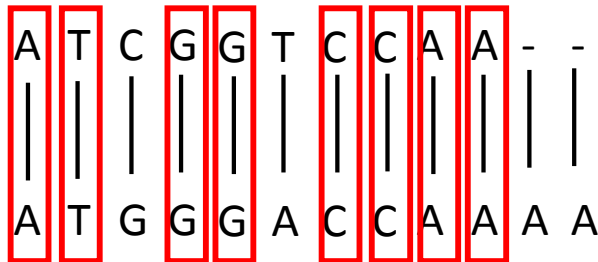


Figura 8 - Detalhamento de uma Sequência. Fonte: O Autor (2013)

Mismatch:2

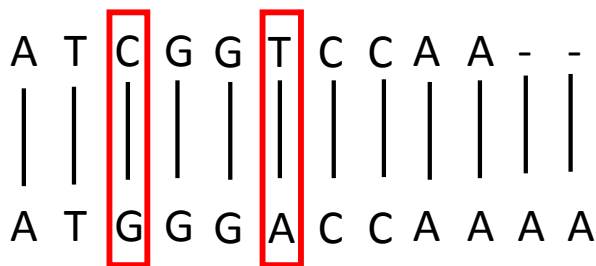


Figura 9 - Detalhamento de uma Sequência. Fonte: O Autor (2013).

GAP:2



Figura 10 - Detalhamento de uma Sequência. Fonte: O Autor (2013).

$$\text{Score: } (8 * 2) + (2 * (-1)) + (2 * (-2)) = 10$$

2.8 ARQUIVO FASTA

Conhecido como formato FASTA é a forma mais habitual representar sequencias de nucleotídeos ou sequencias de aminoácidos para serem usadas em vários softwares. Inicialmente foi criado por David J. Lipman and William R. Pearson em 1985, um de pacote de softwares chamado de FASTP, que em sua versão original, busca a similaridade entre sequencias de proteínas, deste pacote de softwares originou o formato FASTA, que veio a se tornar o formato padrão usado na Bioinformática.

Exemplo formato do arquivo FASTA:

```
>gi|294774586|ref|NM_001177567.1| Mus musculus otogelin-like (Otogl), mRNA
AGTTTGATGGTACCTTGGCGTGCTCTCTCCCTTCCTATACTGCTGGTTTCA
TTACGAGGATACGTTTGTG
CGTCATCTGTCCTGTCAGAAACATCAGAAAGTGAGTTCTATGAAAATGAAC
AGAGAAGGGCTCTGTTAGC
AGTACAGTTTGAAGCAACCTCTCCGAGATATTTTTTCCACGAAGCTATTAAT
TGGGGTGAGAGTAAAATA
AAAGGTTTCATGTCCTCATGAATGCCTTAACGGGGCTTTCTGTTCTAAGACG
GGTACGTGTGACTGTCAAA
... (continua)
```

Como visto no exemplo acima, o arquivo FASTA é composto pelo cabeçalho e as bases. Uma característica marcante é que todo cabeçalho FASTA inicia com o sinal de ">" (FASTA,2003).

2.9 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Baseado nos conceitos de DNA, RNA, Replicação, Transcrição e Alinhamento, a ferramenta de análise de sequenciamento genético foi implementada. Por meio da pesquisa, pode-se identificar a falta de uma ferramenta capaz de auxiliar o professor na sala de aula no momento de uma explicação sobre o conteúdo de genética. Aliado aos conceitos, o RUP vem como metodologia mais completa para a execução deste projeto, pois além de completa, robusta e pode ser aplicada com iterações. Para a documentação do sistema foram utilizados os artefatos: Modelo de Caso de Uso, Diagrama de Classes, Lista de Risco, Modelo de Dados.

3 METODOLOGIA

3.1 RUP

O IBM Rational Unified Process (RUP) é um framework de processo de engenharia de software que fornece um conjunto de práticas testadas na indústria para desenvolvimento de software e gerência de projetos (SHUJA, 2007). O RUP utiliza uma abordagem orientada a objetos e preconiza a utilização da notação UML (Unified Modeling Language) para documentação. É organizado em disciplinas (workflows) onde são distribuídas tarefas e responsabilidades e gerados produtos de trabalho (artefatos). O ciclo de vida é dividido em fases sequenciais, as quais podem ser subdivididas em iterações (no apêndice podemos ver a WBS e o cronograma do projeto detalhando cada iteração).

O RUP é colocado em pratica neste projeto utilizando a metodologia de desenvolvimento em iterações, ou seja, inicialmente foi levantado uma necessidade de desenvolvimento de um software cuja finalidade era analisar sequências genéticas, foi requisitado um documento de requisitos básicos para atender tal necessidade. Com posse deste documento iniciou uma análise com o objetivo de abstrair melhor a ideia principal, juntamente com a confecção dos artefatos de análise (Use Case), iniciou-se a criação dos protótipos que posteriormente foram utilizados como base para a implementação das telas do sistema.

Durante a fase de implementação da ferramenta, foi necessária várias alterações nos documentos de análise, criando assim um ciclo de iterações entre as fases de construção do software.

Em contra partida aos workflow de requisitos, análise e implementação, a fase de qualidade esteve em todas as etapas. Nas etapas de requisitos e análise pode-se garantir a qualidade da documentação para que na fase de implementação não sofresse tanto desgaste caso os documentos estivessem erroneamente descritos.

Ao finalizar as primeiras telas, o workflow de Qualidade foi acionado mais uma vez para que se desse início ao testes unitários do sistema. Com o retorno positivo da fase de Qualidade, a fase de Implantação pode ser iniciada, executada e finalizada com o objetivo esperado.

3.2 PLANO DE ATIVIDADES

O plano de atividades para a execução deste projeto foi dividido em cinco etapas, que seguiram a ordem em que foram executadas durante o andamento do projeto

A primeira etapa, ou seja, a parte de planejamento inicial, que incluíram a análise do planejamento a ser executado, os riscos e comunicação.

A segunda etapa é o levantamento de requisitos para a implementação do software, nessa etapa foi utilizado o documento de Visão que está inserido no apêndice.

Na terceira etapa, foi produzido os artefatos de análise, os Use Case que estão inserido no apêndice.

Na quarta etapa foi iniciado o desenvolvimento do sistema utilizando a linguagem Java.

Na quinta etapa foi realizado a execução dos casos de teste que estão inserido no apêndice.

3.3 RESPONSABILIDADE

A responsabilidade de analisar, desenvolver, testar, reportar o andamento da implementação do Software fica a cargo da senhora Aline Abreu Alves.

3.4 PLANO DE RISCOS

O plano de riscos descreve os riscos conhecidos do projeto ProGenFx, bem como descreve como gerenciá-los.

3.4.1 Lista de Riscos

A seguir, são apresentados os riscos identificados.

Tabela 3 - Relação de Riscos. Fonte: O Autor (2013)

Número	Tipo	Probabilidade	Impacto	Ação
R01	Falta de Conhecimento da Equipe	Alto	A	Comprar livros sobre Biologia Molecular
R02	Atraso na entrega	Médio	M	Trabalhar nos finais de semana e durante a noite

3 - R01

A. Descrição do Risco

Para esse projeto é necessário ter além de conhecimento em informática, conhecer também biologia molecular.

B. Descrição do Impacto

Atraso no prazo de entrega, a falta de atenção no momento dos testes (pelo fato de pouco conhecimento).

C. Estratégia de Diminuição

Para reduzir esse impacto, estamos estudando sobre o assunto.

D. Plano de Contingência

Consulta com um biólogo.

4 - R02:

A. Descrição do Risco

O atraso nas entregas dos módulos e atraso na entrega final

B. Descrição do Impacto

Não entregar o sistema na data acordada.

C. Estratégia de Diminuição

Acompanhamento diário do desenvolvimento do projeto.

D. Plano de Contingência

Trabalhar nos finais de semana, fazendo mais horas por dia, caso um modulo ou atividade atrase.

3.5 PLANO DE CUSTOS

A estimativa de custo para o projeto foi realizada utilizando a métrica de esforço por pontos de caso de uso. Segundo a métrica, o tempo de desenvolvimento seria de aproximadamente 368 horas, sendo 20 horas semanais como esforço o projeto será realizado em no máximo quatro meses.

Segue dados detalhados da métrica utilizada para o levantamento de esforços:

1. Peso dos Atores

Tabela 4 – Peso dos Atores. Fonte: O Autor (2013)

Ator	Classificação
Usuário	Médio

2. Peso dos Casos de Uso

Tabela 5 – Peso dos Casos de Uso. Fonte: O Autor (2013)

Identificação	Caso de Uso	Classificação
UC001	Manter Login	Simples
UC002	Manter Usuário	Simples
UC003	Manter Sequencia	Complexo
UC004	Importar Sequencia	Complexo
UC005	Alinhar Sequência	Complexo
UC006	Replicar Sequência	Complexo
UC007	Transcrever Sequência	Complexo

TPNAA: Total de Pesos não ajustados dos atores

Tabela 6 – Total de Pesos não Ajustados dos Atores. Fonte: O Autor (2013)

Tipo	Quantidade	Peso	Total
Simples	0	0	0
Médio	1	2	3
Complexo	1	3	4
		TPNAA	7

TPNAUC: Total de Pesos não ajustados nos Casos de Uso.

Tabela 7 – Total de Pesos não ajustados nos Casos de Uso Total. Fonte: O Autor (2013)

Tipo	Quantidade	Peso	Total
Simple	2	1	3
Médio	0	2	2
Complexo	5	4	9
TPNAUC			14

3.PCUNA: Pontos por Caso de Uso não justados

PCUNA:	21
--------	----

4.FCT: Fator de Complexidade Técnica

Tabela 8 - Fator de Complexidade Técnica. Fonte: O Autor (2013)

Descrição	Peso	Fator	Fator * Peso
Sistemas Distribuídos	2	0	0
Desempenho da Aplicação	1	3	3
Eficiência do usuário final	1	3	3
Processamento interno complexo	5	1	25
Reusabilidade do código	1	5	5
Facilidade de Instalação	0,5	5	2,5
Usabilidade	0,5	5	2,5
Portabilidade	2	0	0
Manutenibilidade	1	5	5

$$\text{FCT} = 0,6 + (0,01 * \text{Somatório}) = 1,145$$

5. FCA: Fator de Complexidade Ambiental

Tabela 9 – Fator de complexidade Ambiental. Fonte: O Autor (2013)

Descrição		Peso	Fator	Peso * Fator
Familiaridade com o processo de desenvolvimento de software	F1	1,5	5	7,5
Experiência na aplicação	F2	0,5	3	0
Experiência com OO, na linguagem e na técnica de desenvolvimento	F3	1	3	3
Capacidade do líder de análise	F4	1	3	3
Motivação	F5	2	5	6
Requisitos estáveis	F6	2	3	2
Trabalhadores com dedicação parcial	F7	-1	0	0
Dificuldade na linguagem de programação	F8	-1	0	0
				21,5

FCA =

0,755

6. Calcular PCUs Ajustados

$PCUA = PCUNA * FCT * FCA$

PCUA =

18,153975

Estimativa de Horas:

PCUA * 20=

370 hh

Para a infraestrutura durante o desenvolvimento, será necessário uma estação de trabalho. A opção para este item foi de um computador Dell Inspiron 15R 4ª Geração do Processador Intel® Core™ i7-4500U (3.0GHz, 4Mb Cache) com 8 GB de DDR3L D a 1600 MHz, Disco Rígido de 1TB, SATA (5400 RPM), com Microsoft Office 2013 incluso, totalizando de R\$ 3.227,00 reais. Para o para

o desenvolvimento e publicação do programa, será necessário um servidor dedicado com Tomcat e JVM dedicada, totalmente customizável com o custo de R\$109,00 por mês.

Como a linguagem escolhida é Java ou seja, uma linguagem livre sob a licença GNU (General Public License), não será necessário gasto com a ferramenta de geração de códigos. Para o gerenciador de banco de dados, foi escolhido o Microsoft Sql Server 2012, que possui o custo de R\$ 3.335,00.

Levando em consideração a estimativa de tempo gerada pela análise por pontos de caso de uso, o levantamento da equipe e de toda a infraestrutura necessária para a execução do projeto em um ambiente real de trabalho bem como todos os gastos variáveis e recursos de fundo de risco, o custo total para o projeto seria de aproximadamente R\$41.118,68 reais (ver Tabela de custo detalha no Apêndice)

3.6 MATERIAIS

3.6.1 Linguagem de programação Java

Java é uma linguagem de programação e uma plataforma de computação lançada pela primeira vez pela Sun Microsystems em 1995. É a tecnologia que capacita muitos programas da mais alta qualidade, como utilitários, jogos e aplicativos corporativos, entre muitos outros, por exemplo (JAVA,2013).

Entre suas várias características o que se destaca são: a orientação a objeto, a grande quantidade de conjuntos de bibliotecas (APIs), a facilidade de criação de programas multitarefas e a independência de plataformas.

A escolha da linguagem deu-se pela necessidade explicitada do solicitante deste projeto.

3.6.2 Java Web

Uma aplicação Java Web gera páginas Web interativas, que contêm vários tipos de linguagem de marcação (HTML, XML, etc.) e conteúdo dinâmico. Normalmente é composto por componentes Web, como JavaServer Pages (JSP), servlets e JavaBeans para modificar e armazenar dados temporariamente, interagir com bancos de dados e Web services e processar o conteúdo como resposta às solicitações do cliente (NETBEANS, 2013).

Para o projeto ProGenFx foi utilizado JSF, Primefaces, EJB e o gerenciador de banco de dados Microsoft SQL Server 2012

3.6.3 JSF

É um framework que permite a elaboração de interfaces de usuário web colocando componentes em um formulário e ligando-os a objetos Java permitindo a separação entre lógica e regras de negócio, navegação, conexões com serviços externos e gerenciamento de configurações. Seu ponto forte é um grande número de componentes e um design muito flexível o que permitiu que este framework crescesse muito acomodando novas tecnologias (HORSTMANN e CORNELL, 2001, p. 130).

3.6.4 Primefaces

O PrimeFaces é um framework da Prime Teknoloji (empresa da Turquia) que oferece um conjunto de componentes ricos para o JavaServer Faces. Seus componentes foram construídos para trabalhar com AJAX por “default”, isto é, não é necessário nenhum esforço extra por parte do desenvolvedor para realização de chamadas assíncronas ao servidor. Além disso, o PrimeFaces dá suporte à criação de funcionalidades que fazem uso de Ajax Push e permite a

aplicação de temas (skins) com o objetivo de mudar a aparência dos componentes de forma simples (PRIMEFACES, 2013).

3.6.5 TomCat

O software Tomcat, desenvolvido pela Fundação Apache, permite a execução de aplicações para web. Sua principal característica técnica é estar centrada na linguagem de programação Java, mais especificamente nas tecnologias de Servlets e de Java Server Pages (JSP).

Do ponto de vista operacional, a principal finalidade das tecnologias de servlets e JSP é permitir a criação dinâmica de conteúdo. A dinâmica, em um cenário típico, funciona do seguinte modo:

- Um usuário, no seu browser, solicita algum documento (indicado por um URL) a um servidor Tomcat;
- O servidor, ao receber uma solicitação (URL) do usuário, executa o servlet ou JSP correspondente àquele URL (a associação entre URL e servlet ou JSP é especificada no arquivo web.xml). O conteúdo gerado pelo servlet ou JSP, normalmente um documento no formato HTML, é uma combinação de tags HTML (incluídos explicitamente) e o resultado de algum processamento (por exemplo, algoritmo Java e/ou acesso a um banco de dados).
- O usuário recebe o conteúdo gerado pelo servidor Tomcat e o exibe através do seu browser. (TOMCAT,2013)

3.6.6 BioJava

BioJava é um projeto de código aberto que fornece uma estrutura para o processamento de dados biológicos. BioJava contém uma análise poderosa e rotinas estatísticas, ferramentas para análise de formatos de arquivos comuns e pacotes para a manipulação de sequências e estruturas 3D. Ele permite o

desenvolvimento de aplicativos de bioinformática rápido na linguagem de programação Java (BIOJAVA, 2013).

3.6.7 Microsoft SQL Server 2012

O Microsoft SQL Server 2012 é um sistema de gerenciamento de banco de dados projetado para executar em um servidor, aceitando conexões de usuários remotos e aplicações. Como o projeto debanda uma grande quantidade de dados, a escolha do SGDB MS SQL Server 2012 foi crucial para o sucesso da implementação do software. O principal motivo da escolha do SQL Server como gerenciador de dados do sistema é a necessidade de um banco de dados robusto e com maior solidez no mercado, para ter suporte sempre que necessitar.

4 APRESENTAÇÃO DO SOFTWARE

4.1 OBJETIVO

O objetivo do software é realizar a análise de sequências genéticas do tipo DNA e RNA. No sistema, além do cadastramento, é possível importar arquivos do tipo Fasta para realizar o alinhamento, a replicação e a transcrição de polinucleotídeos.

4.2 TELAS DO SOFTWARE

Para acessar o sistema, é necessário realizar a autorização. Um novo usuário deve ser solicitado ao Administrador. O usuário acessa o endereço do sistema ProGenFX e realiza o Login, informando seu usuário e a senha padrão “123”. Conforme Figura.

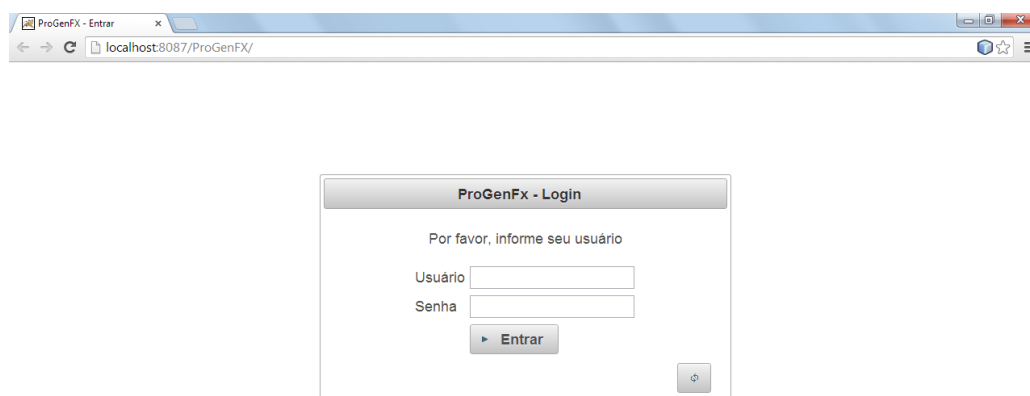


Figura 11 – Login. Fonte: O Autor (2013)

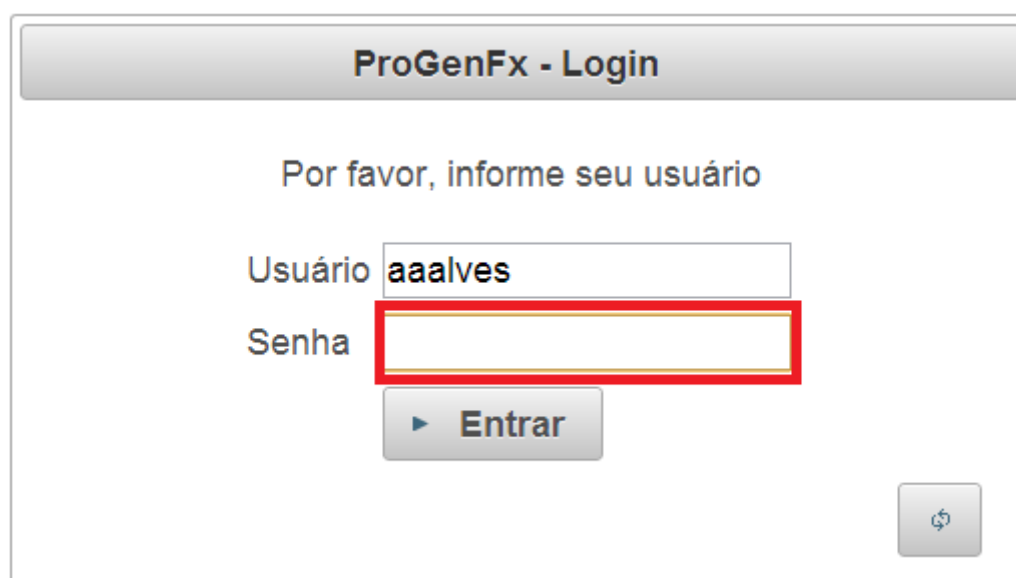
Usuário informa o Login cadastrado pelo administrador no campo Usuário:



The image shows a login window titled "ProGenFx - Login". Below the title bar, the text "Por favor, informe seu usuário" is displayed. There are two input fields: "Usuário" and "Senha". The "Usuário" field contains the text "aaalves" and is highlighted with a red rectangular border. The "Senha" field is empty and has a yellow border. Below the input fields is a button labeled "▶ Entrar". In the bottom right corner, there is a small square button with a circular arrow icon.

Figura 12 - Login Usuário. Fonte: O Autor (2013)

E a senha padrão no campo Senha:



The image shows the same login window as Figure 12. The "Usuário" field still contains "aaalves". The "Senha" field is now highlighted with a red rectangular border, indicating it is the focus. The "▶ Entrar" button and the refresh icon in the bottom right corner remain visible.

Figura 13 - Login Senha. Fonte: O Autor (2013)

Clicando no botão "Entrar" será exibida uma mensagem solicitando a troca de senha

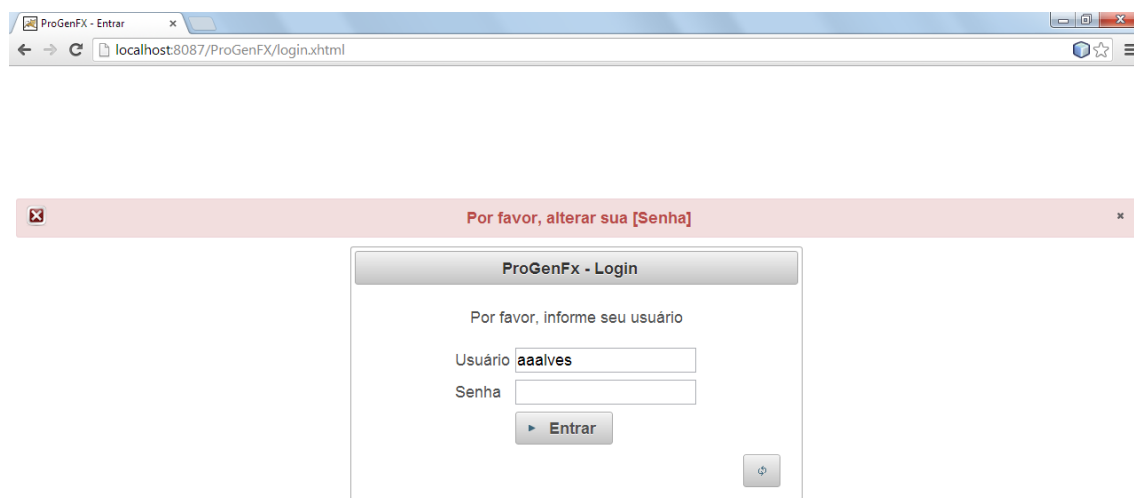


Figura 14 - Login Validação. Fonte: O Autor (2013)

Para realizar a troca, o usuário do sistema deverá clicar no botão “Trocar Senha”



Figura 15- Botão Troca de Senha. Fonte: O Autor (2013)

Nessa opção, o usuário será direcionado para a tela de mudança de senha:

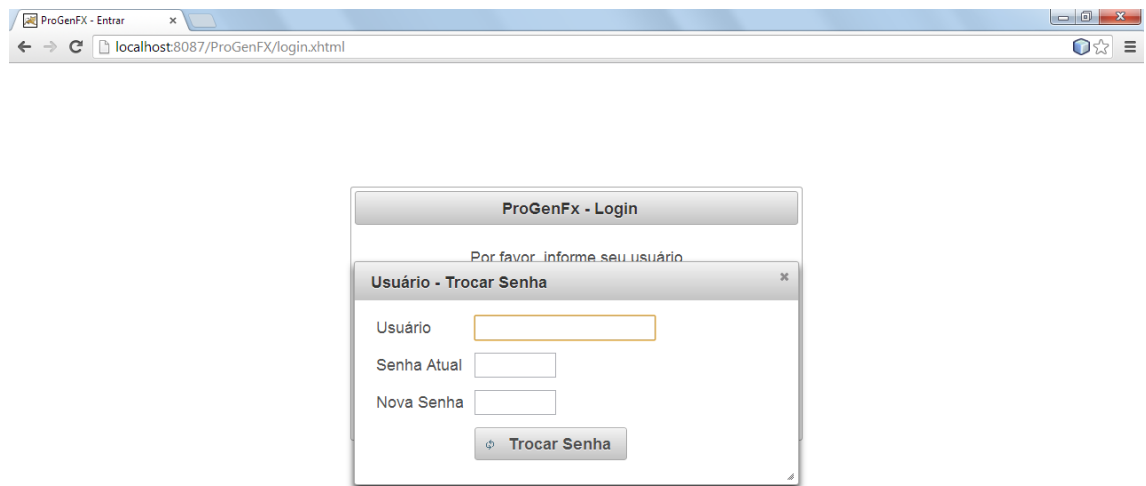


Figura 86 - Troca de Senha. Fonte: O Autor (2013)

Nessa tela, o usuário deverá informar os campos:

- Usuário: Login cadastrado para o usuário do sistema
- Senha Atual: Se for a primeira vez a entrar no sistema é a senha padrão

“123”

- Nova Senha: Senha cadastrada pelo usuário

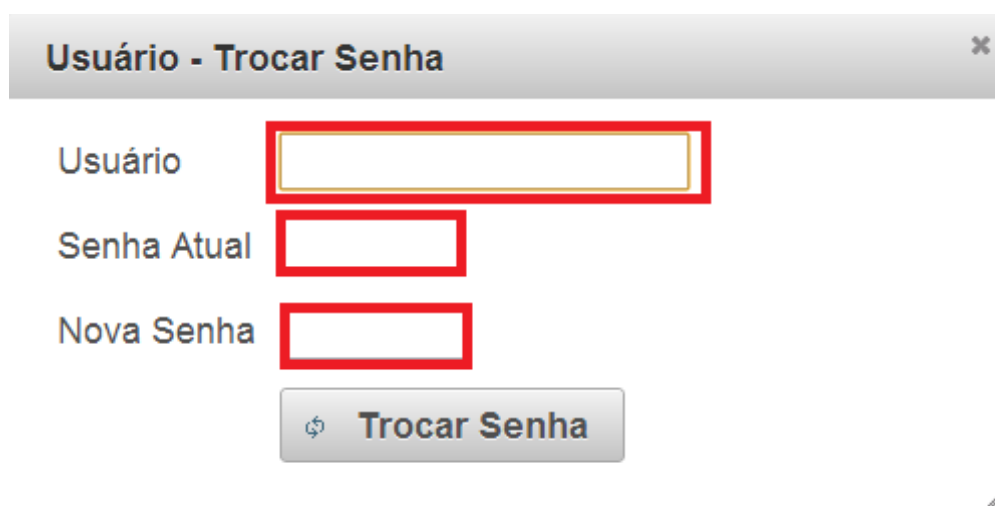


Figura 17 - Troca de Senha Validação. Fonte: O Autor (2013)

Informado os campos, clicar no botão “Trocar Senha”

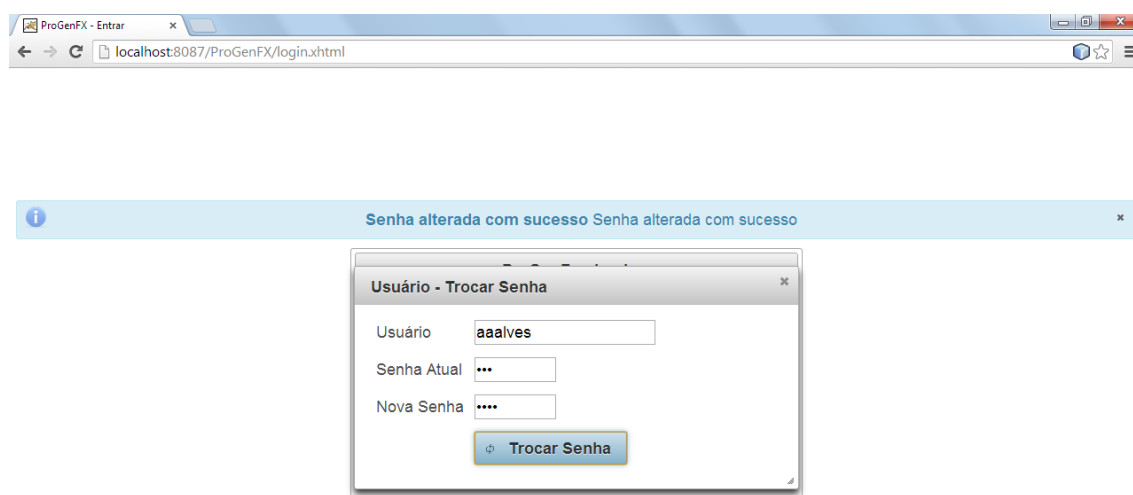


Figura 18 - Troca de Senha Sucesso. Fonte: O Autor (2013)

Home

A pagina de inicio do sistema ProGenFX possui as opções de menu disponível para acesso

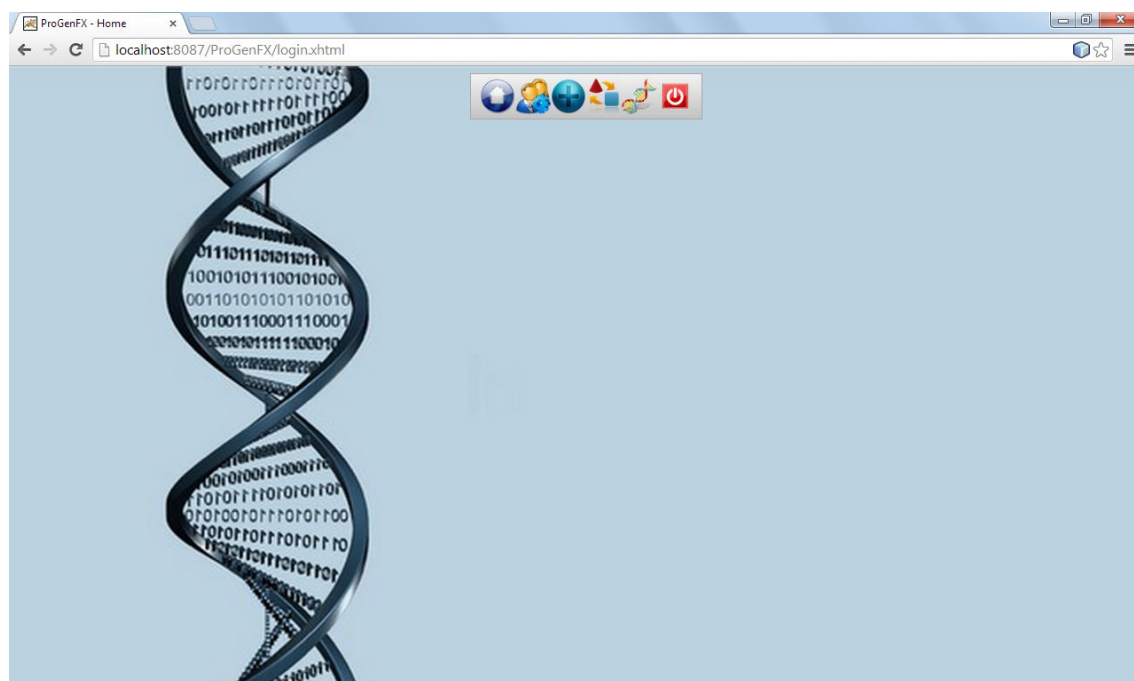


Figura 19 - Home. Fonte: O Autor (2013)

Home:



Figura 20 - Menu Home. Fonte: O Autor (2013)

Cadastrar Usuário:



Figura 21 - Menu Cadastro de Usuário. Fonte: O Autor (2013)

Cadastrar Sequência:



Figura 22 - Menu Cadastro de Sequência. Fonte: O Autor (2013)

Importar Sequência:



Figura 23 - Menu Importar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

Alinhamento:



Figura 24 -Menu Alinhamento. Fonte: O Autor (2013)

Sair:



Figura 25 - Menu Sair. Fonte: O Autor (2013)

Cadastrar Usuário

Acessando a opção “Usuário” no menu principal, o usuário do sistema ProGenFX é direcionado para a tela de Manter Usuário:

Nome	Perfil	Usuário	Ativo
Aline Abreu Alves	OPERADOR	aaalves	<input checked="" type="checkbox"/>
Magali Abreu Ribeiro	OPERADOR	maribeiro	<input checked="" type="checkbox"/>
Juliane Ribeiro	OPERADOR	jribeiro	<input type="checkbox"/>
Horacio Abreu Ribeiro	OPERADOR	horario.r	<input checked="" type="checkbox"/>
Huck Abreu Ribeiro	OPERADOR	huck.ribeiro	<input type="checkbox"/>
usuario teste	OPERADOR	usuteste	<input checked="" type="checkbox"/>

Figura 26 - Cadastro de Usuário. Fonte: O Autor (2013)

Para cadastrar um novo usuário é necessário clicar no botão



na palheta de opções.

Ao clicar nessa opção os campos Nome, Login e Perfil são habilitados para o cadastramento.

Figura 27 - Novo Usuário. Fonte: O Autor (2013)

Após informar os campos Nome, Login e Perfil, para incluir o novo usuário



é necessário clicar no botão Salvar

Figura 28 - Cadastro de usuário - Botões. Fonte: O Autor (2013)

Ativar/Inativar um usuário

Ativar:

O usuário está inativo quando a coluna Ativo não estiver checkada.

Para ativar, selecionar o usuário desejado e clicar no check da coluna Ativo

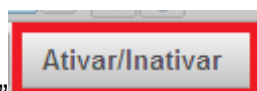
Nome	Perfil	Usuário	Ativo
Aline Abreu Alves	OPERADOR	aaalves	<input checked="" type="checkbox"/>
Magali Abreu Ribeiro	OPERADOR	maribeiro	<input checked="" type="checkbox"/>
Juliane Ribeiro	OPERADOR	jribeiro	<input type="checkbox"/>
Horacio Abreu Ribeiro	OPERADOR	horario.r	<input checked="" type="checkbox"/>
Huck Abreu Ribeiro	OPERADOR	huck.ribeiro	<input type="checkbox"/>
usuario teste	OPERADOR	usuteste	<input checked="" type="checkbox"/>
teste	ADMIN	etesrs	<input checked="" type="checkbox"/>
we	ADMIN	wqeq	<input checked="" type="checkbox"/>
weqwe	ADMIN	qwewqe	<input checked="" type="checkbox"/>
weqwe	ADMIN	qwewqe	<input checked="" type="checkbox"/>

Figura 29 - Ativar/Desativar Usuário - a. Fonte: O Autor (2013)

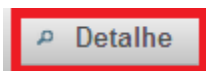
Nome	Perfil	Usuário	Ativo
Aline Abreu Alves	OPERADOR	aaalves	<input checked="" type="checkbox"/>
Magali Abreu Ribeiro	OPERADOR	maribeiro	<input checked="" type="checkbox"/>
Juliane Ribeiro	OPERADOR	jribeiro	<input checked="" type="checkbox"/>
Horacio Abreu Ribeiro	OPERADOR	horario.r	<input checked="" type="checkbox"/>
Huck Abreu Ribeiro	OPERADOR	huck.ribeiro	<input type="checkbox"/>
usuario teste	OPERADOR	usuteste	<input checked="" type="checkbox"/>
teste	ADMIN	etesrs	<input checked="" type="checkbox"/>
we	ADMIN	wqeq	<input checked="" type="checkbox"/>
weqwe	ADMIN	qwewqe	<input checked="" type="checkbox"/>
weqwe	ADMIN	qwewqe	<input checked="" type="checkbox"/>

Figura 30 Ativar/Desativar Usuário - b. Fonte: O Autor (2013)

Depois clicar no botão “Ativar/Inativar”



Para reiniciar a senha do usuário, é necessário selecionar o usuário na tabela e clicar no botão “Detalhe”



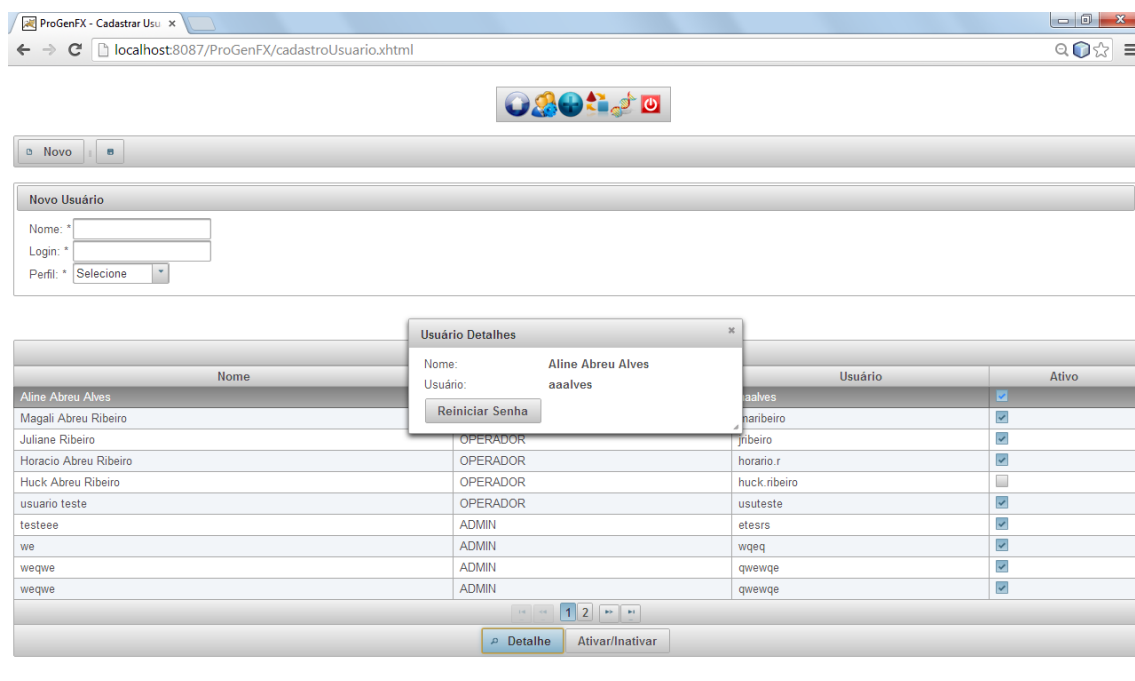


Figura 31 - Usuário Detalhes. Fonte: O Autor (2013)

Nessa opção é exibido os dados de Nome e Usuário do usuário selecionado e o botão “Reiniciar Senha”. Para reiniciar a senha do usuário, atribuindo a senha padrão “123”, basta clicar nessa opção.

Cadastrar Sequência.

Para realizar o cadastro de uma sequência, deve-se clicar na opção “Cadastro” do menu principal. Ao clicar nessa opção a tela de Cadastro é exibida.

Figura 32 - Cadastro de Sequência. Fonte: O Autor (2013)

Para realizar um novo cadastro, deve-se:

- Informar um nome para a Sequência:

Nome:

Molécula

- Informar qual polinucleotídeo (molécula) deseja cadastrar:

- Informar a sequência de nucleotídeos:

Lembrando que, seguindo a validação, caso seja selecionado a Molécula “DNA”, somente os caracteres: A, T, C, G, poderá ser inserido nesse campo. Para a molécula “RNA”, os caracteres: A, T, C, U poderá ser inserido.

Sequência:

A large, empty rectangular text input field with a red border, intended for entering sequence information.

- Informar caso necessário informações adicionais pertinentes a sequência cadastrada:

Informações:

A large, empty rectangular text input field with a red border, intended for entering additional information about the sequence.

Depois de inserido as informações, para realizar o cadastro, clicar no botão “Salvar”:



Para pesquisar/alterar uma sequência já cadastrada, utilizar a opção “Pesquisar” nessa mesma tela:

The search interface consists of a blue header bar with a dropdown menu labeled 'Pesquisar'. Below this is a search form with the label 'Nome Sequencia:' followed by a text input field and a search icon button. The entire search form area is highlighted with a red border.

Figura 33 - Pesquisar Sequência a. Fonte: O Autor (2013)

Para realizar a pesquisa, o usuário precisará digitar as letras iniciais da sequência que deseja.

Pesquisar

Nome Sequencia: H

Nova Sequência

Nome:

Molécula: DNA

HSBGPG
 HSBGPGWE
 HSBGPG1
 HSBGPG2
 HSBGPG123456
 HSBGPG1234564

Figura 34 - Pesquisar Sequência b. Fonte: O Autor (2013)

Selecionar a sequência desejada e clicar no botão “Pesquisar”

ProGenFX - Cadastrar Seq

localhost:8087/ProGenFX/cadastrarSequencia.xhtml

Novo

Pesquisar

Nome Sequencia: HSBGPGWE

Nova Sequência

Nome: HSBGPGwe

Molécula: DNA

Sequência:

```

GGCAGATTCCCTAGACCCGCCCGCACCATTGGTCAGGCATGCCCTCCTCATCG
CTGGGCACAGCCAGAGGGTATAACAGTGTGGAGGCTGGCGGGCAGGCCAG
CTGAGTCTTGAGCAGCAGCCAGCGCAGCCAGGACACCATGAGAGCCTCAC
ACTCCTCGCCCTATTGGCCCTGGCCGCACCTTGCATGCTGGCCAGGCAGGTGAG
TGCCCCCACCCTCCCTCAGGCCGATTGCAGTGGGGGCTGAGAGGAGGAAGCAC
  
```

Informações:

teste com menu

Figura 35 - Pesquisar Sequência c. Fonte: O Autor (2013)

Para alterar algum dado da sequência pesquisada, basta realizar a alteração e clicar no botão “Salvar”

The screenshot shows a web browser window with the address bar displaying 'localhost:8087/ProGenFX/cadastrarSequencia.xhtml'. The page has a header with a 'Novo' button. Below the header is a search bar labeled 'Pesquisar' with the text 'Nome Sequência: HSBGPGWE'. The main content area is titled 'Nova Sequência' and contains several input fields: 'Nome:' with the value 'HSBGPGwe', 'Molécula:' with a dropdown menu set to 'DNA', and 'Sequência:' with a text area containing a DNA sequence. Below these fields is an 'Informações:' section with a text area containing 'teste alteração'.

Figura 36 - Salvar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

Importar Sequência.

As sequências importadas pelo ProGenFX são do tipo Fasta, que segue o seguinte Layout:

O nome da sequência, destacado em vermelho e o sequência, destacada em verde.

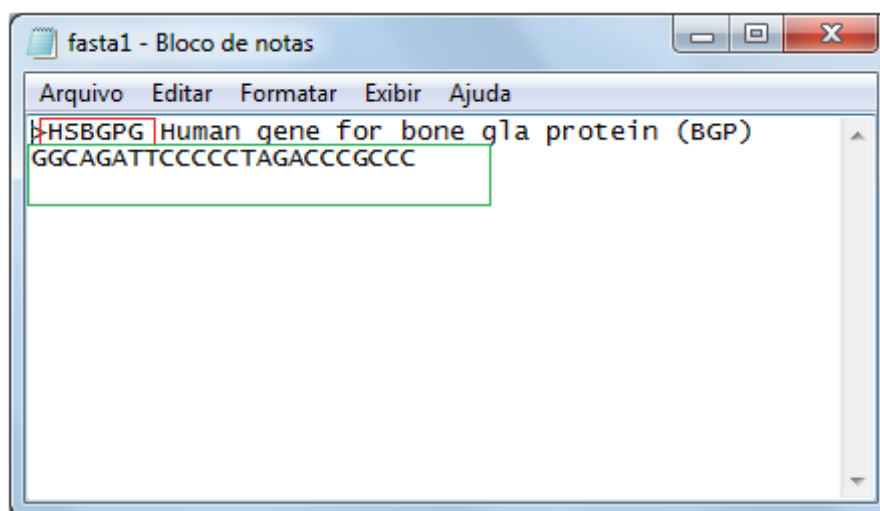


Figura 37 - Arquivo FASTA. Fonte: O Autor (2013)

Ao selecionar a opção Importar, no menu principal a tela a seguir é exibida

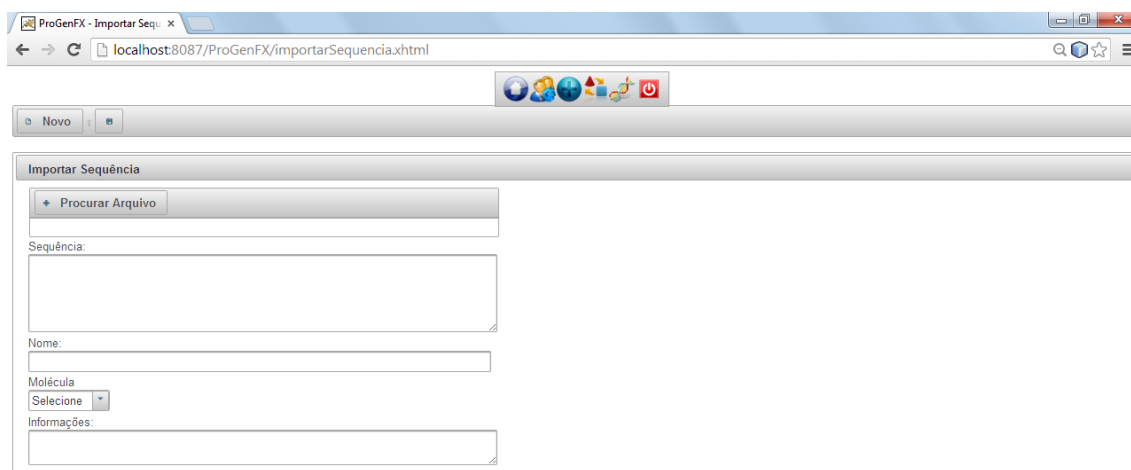


Figura 38 - Importar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

A importação da sequência se faz pelos seguintes passos:

- Selecionar um arquivo na opção:

+ Procurar Arquivo

Ao selecionar essa opção a janela de seleção de arquivos é aberta.

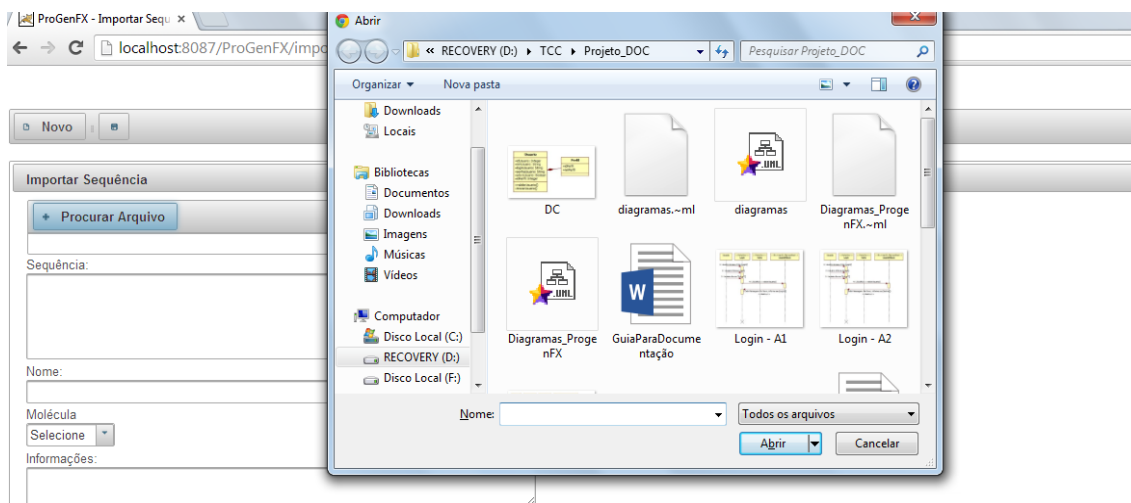


Figura 39 - Selecionar Arquivo. Fonte: O Autor (2013)

Selecionar um arquivo valido para a importação e clicar no botão “Abrir”

ProGenFX - Importar Sequência

localhost:8087/ProGenFX/importarSequencia.xhtml

Novo

Importar Sequência

Sucesso
Arquivo recebido: fasta1.txt
Tamanho do Arquivo: 71

+ Procurar Arquivo

Sequência:
GGCAGATCCCCCTAGACCGCCC

Nome:
HSBGPG

Molécula
Selecione

Informações:

Figura 40 - Importar Sequência - Validar. Fonte: O Autor (2013)

As informações de Nome e Sequência é preenchida com o valor encontrado no arquivo.

Alinhamento

Nessa opção o usuário poderá realizar comparações entre sequências cadastradas no sistema. Ao selecionar a opção Alinhamento, no menu principal a tela a seguir é exibida:

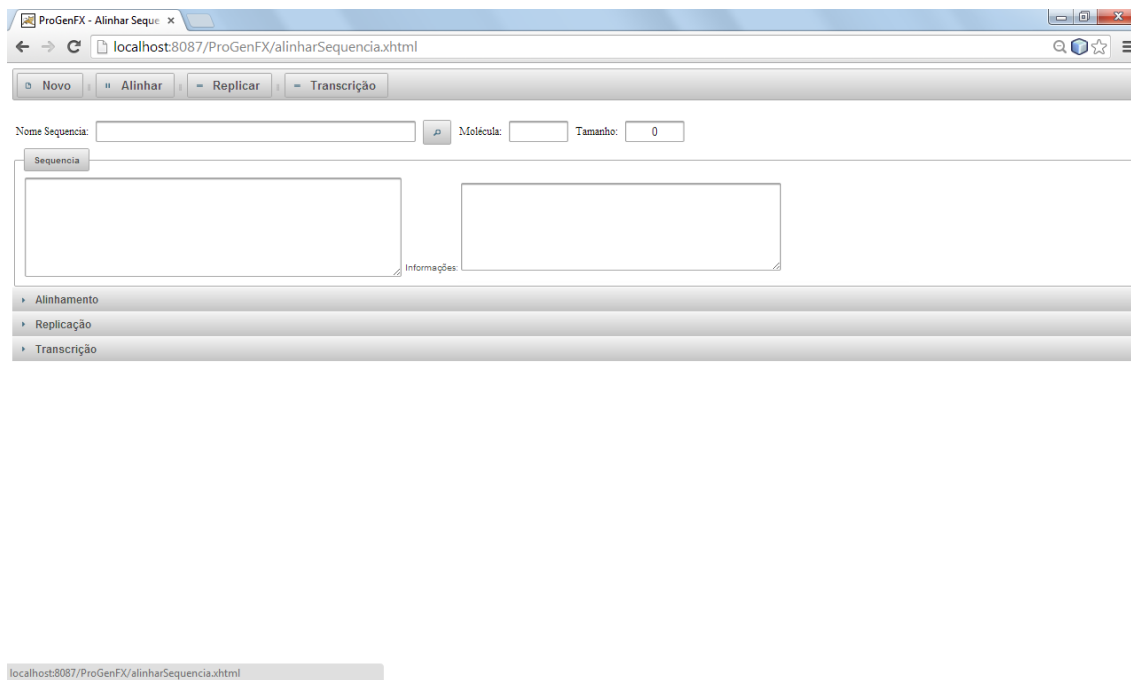


Figura 41 - Tela Alinhamento - Opções. Fonte: O Autor (2013)

Nessa tela o usuário pode utilizar dos seguintes recursos:

- Alinhamento

Para realizar o alinhamento, primeiro o usuário seleciona uma sequência que deseja alinha:

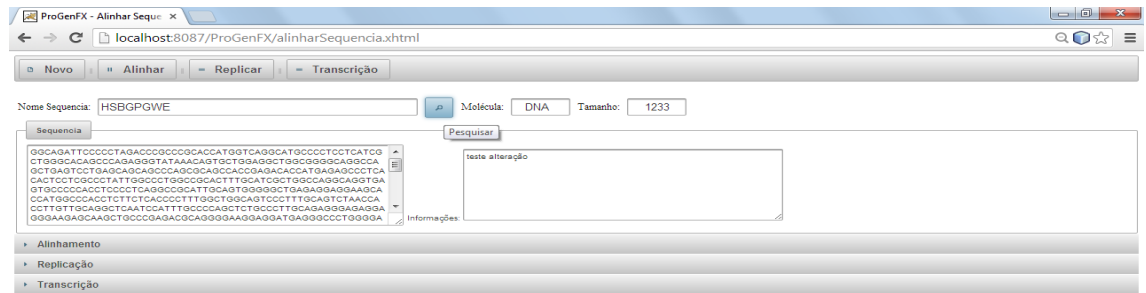


Figura 42 - Consultar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

Nessa opção é exibido o tipo da molécula, o tamanho, a sequência e informações adicionais.

Para realizar o alinhamento com outra sequência, basta seleciona a opção Alinhamento

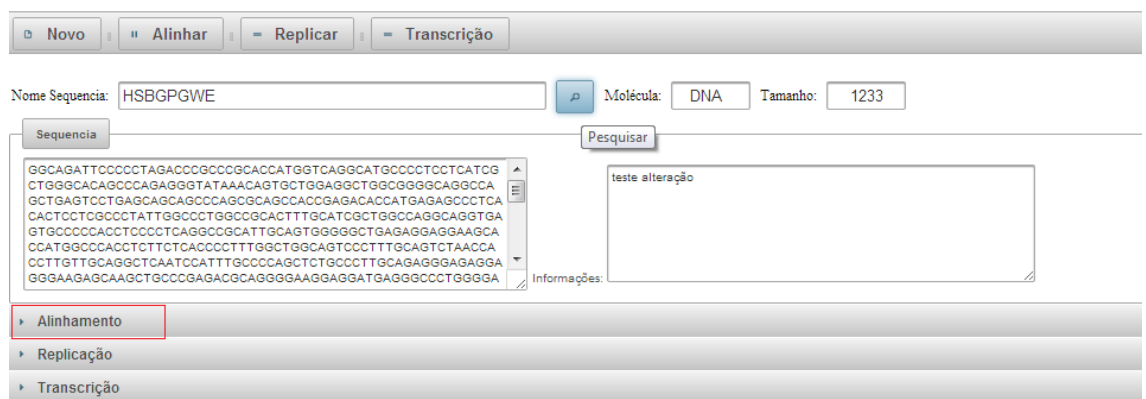


Figura 43 - Opção Alinhamento. Fonte: O Autor (2013)

E selecionar outra sequência para realizar a comparação.

O usuário deverá selecionar qual é a molécula que ele deseja que essa para essa sequência, levando em consideração a regra de validação.

Figura 44 - Alinhar. Fonte: O Autor (2013)

E depois clicar em “Alinhar”:



Figura 45 - Opções. Fonte: O Autor (2013)

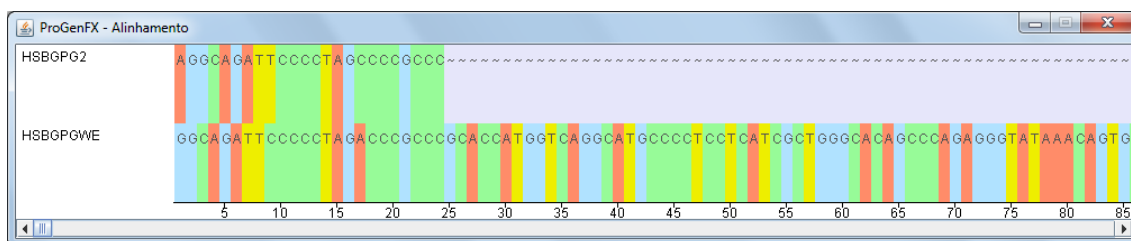


Figura 46 - Gráfico Alinhamento. Fonte: O Autor (2013)

- Replicar:

Para replicar, o usuário deverá selecionar a opção “Replicação”



Figura 47 - Tela Alinhamento - Opções. Fonte: O Autor (2013)

Selecionar uma sequência cadastrada e clicar em “Replicar”

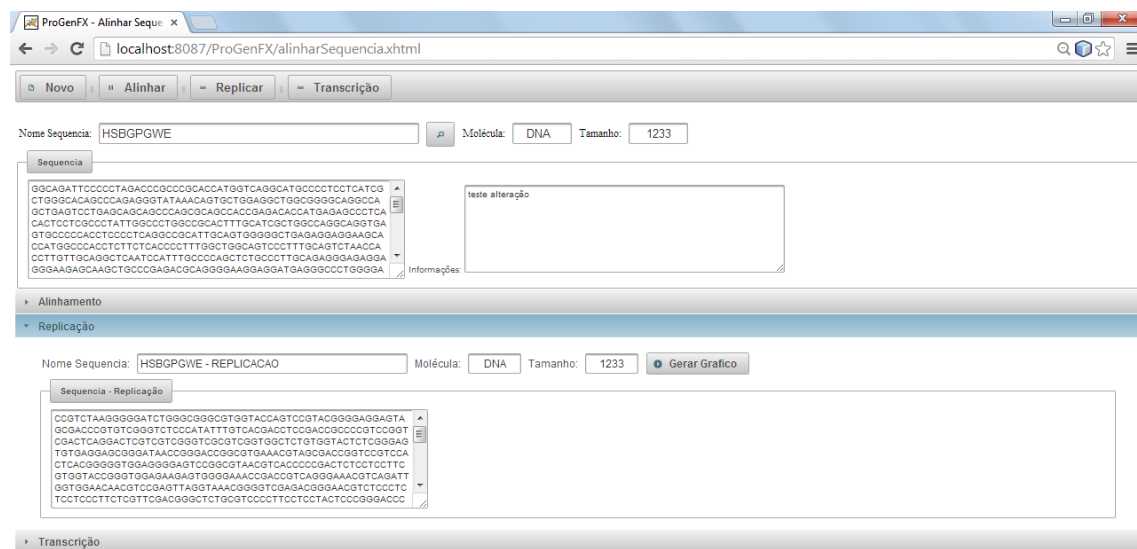


Figura 48 - Replicar. Fonte: O Autor (2013)

Para gerar o gráfico, clicar na opção “Gerar Gráfico”

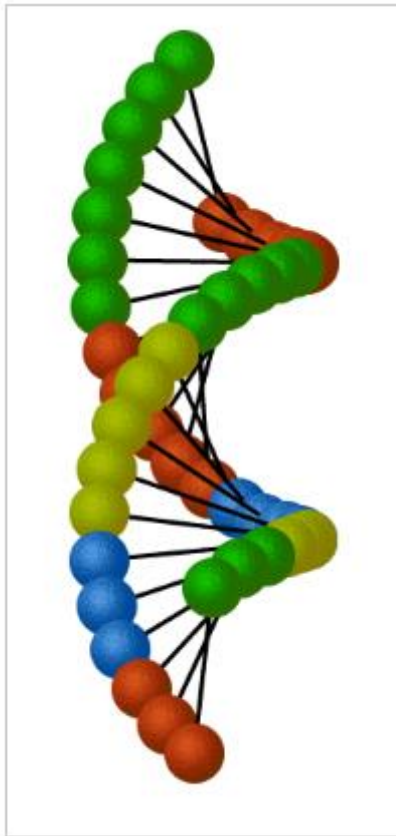


Figura 49 - Gráfico Replicar. Fonte: O Autor (2013)

- Transcrição:

Para essa opção o usuário deverá selecionar a opção “Transcrição”



Selecionar uma sequência e clicar em “Transcrição”

ProGenFX - Alinhar Sequência

localhost:8087/ProGenFX/alinharSequencia.xhtml

Novo Alinhar Replicar Transcrição

Nome Sequência: HSBGPGWE Molécula: DNA Tamanho: 1233

Sequência

```

GGCAGATTCCCTAGACCCGCCGACCATTGGTCAGGCATGCCCTCCTCATCG
CTGGGCACAGCCAGAGGGTATAAACAGTGTGGAGGCTGGGSGGAGGCCA
GCTGAGTCTCTGAGCAGCAGCCAGCGAGCCAGACACCATGAGAGCCCTCA
CACTCTCCCTTATTGGCCCTGGCCGCACTTTGCATGCTGGCCAGCAGGTGA
GTGCCCCCACCCTCCCTCAGGCCGCACTTGCAGTGGGSGCTGAGAGGAGGAAGCA
CCATGGCCCACTCTTCTCACCCTTTGGCTGGCAGTCCCTTTGCAGTCTAACCA
CCTTGTGGAGGCTCAATGCATTGGCCCGAGCTCTGCCCTTGCAGAGGGAGAGGA
GGGAAGAGCAAGCTGCCCGAGACGACAGGGGAAGAGATGAGGGCCCTGGGGA

```

teste alteração

Alinhamento

Replicação

Transcrição

Nome Sequência: HSBGPGWE - RNA Molécula: RNA Tamanho: 1233

Sequência - Transcrição

```

GGCAGAUUCCCCUAGACCCGCCGACCAUGGUCAGGAUGCCCCUCCAUUG
CUGGGCAGAGCCAGAGGGUUAJAAACAGUGGAGGCUUGGGGGGAGGCCA
GCUAGGUCUGAGCAGAGCCAGGCGAGCCAGCAGAGCAGCAGAGAGCCUCA
CACUCCUCGCCUUAUUGGCCUGGCCGACUUAUGAUCGUGCCAGGAGGUGA
GUGCCCCCACCUCUCCAGGCCGCAUUGCAGUUGGGGCUAGAGGAGGAAGCA
CCAUUGGCCAGCUCUCCUCCUUGGCUUGGAGGCCCCUUGGAGGCUAAGCA
CCUUGUGCAGGCUCAUCCAUUUGCCGACGUCUGGCCUUGCAGAGGGAAGGA
GGGAAGAGCAAGCUGCCCGAGACGACAGGGGAAGGAGGAUAGGGCCUUGGGA

```

Figura 50 - Transcrição. Fonte: O Autor (2013)

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

O desenvolvimento e a implementação deste trabalho permitiu a criação do Software de análise de sequência genética, com a ajuda do RUP orientando e iluminando os trilhos do andamento do projeto.

Com o objetivo do projeto direcionado para o âmbito acadêmico ficou mais claro o seu desenvolvimento para o atendimento de um professor de biologia do ensino médio no conteúdo de genética.

Com o decorrer do desenvolvimento a metodologia RUP foi de extrema importância. Com essa metodologia, a parte de documentação, criação de artefatos, a utilização bem definida de UML ficou simples e claro.

Na fase de implementação, o Java, através do paradigma de orientação a objeto, facilitou o desenvolvimento rápido e preciso da ferramenta. A utilização do Primefaces foi muito importante, visto que, com a variedade de componentes html prontos pude utilizar sem muito conhecimento.

Para a geração da sequência em 3D o uso do HTML5 e CSS3 transformou esse atividade em algo simples. Com um código rápido e preciso tendo um grande destaque no projeto.

5.1 Sugestões de trabalhos futuros

Na próxima versão do sistema, poderá ser incluso a comparação de sequência com outros bancos de dados; a análise de doenças já conhecidas e catalogadas, que podem ser percebidas pelo DNA.

REFERÊNCIAS

ACERVOESCOLAR. **Ácidos Nucleicos e síntese proteica**. Disponível em: <<http://www.acervoescolar.com.br/acidos-nucleicos-e-sintese-proteica/>>. Acesso em: 11/12/2013.

ALBERT B, JOHNSON A, LEWIS J, RAFF M, ROBERTS K, WALTER P. **Biologia Molecular da Célula**, 5ª edição, 2010. Porto Alegre. Artmed.

BIOJAVA. **O que é BioJava**.

<<http://bioinformatics.oxfordjournals.org/content/24/18/2096>>. Acesso em: 12/12/2013.

CARDOSO, M. Pirimidinas. **InfoEscola**. Disponível em:

<<http://www.infoescola.com/bioquimica/pirimidinas/>>. Acesso em: 11/12/2013.

CHANDAR, Nalini e VISELLI, Susan. **Biologia Celular e Molecular** 2011. Porto Alegre. Artmed.

CRAIQ, Freudenrich, Ph.D. Disponível

em:<<http://saude.hsw.uol.com.br/dna.htm>> Acesso em: 10 Dez. 2013.

FASTA. **Arquivo Fasta**. 3 de Setembro de 2003. Disponível em:

<<http://pathofbioinformatics.blogspot.com.br/2011/09/arquivo-em-formato-fasta.html>>. Acesso em: 11/12/2013.

FIGURA do Trabalho do Watson e Crick: **Representando a estrutura de um DNA**. Disponível em: <<http://hojeeuaprendo.blogspot.com.br/>>. Acesso em: 10 Dez. 2013.

HORSTMANN, C e CORNELL, G. **Core Java 2 – Volume 1**, 2001 – Fundamentos. Markron Bookes Ltda, São Paulo.

LOPES, Sônia Godoy Bueno Carvalho. **Bio Volume Único** 2006. São Paulo. Editora Saraiva.

MALAJOVICH, Maria Antônia. **Biotecnologia** 2011. Rio de Janeiro. Edições BIBLIOTECA MAX FEFFER do INSTITUTO DE TECNOLOGIA ORT do Rio de Janeiro.

MEC: **Parâmetros Curriculares Nacionais para o Ensino Médio (PCNEM)**. Paraná, parte 1, p. 14-15, dez. 2013.

MOUNT DM. (2004). **Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis** (2nd ed.). Cold Spring Harbor Laboratory Press: Cold Spring Harbor, NY.. ISBN 0-87969-608-7.

NETBEANS. **O que é Java Web**. Disponível em:

<https://netbeans.org/kb/trails/java-ee_pt_BR.html >. Acesso em: 11/12/2013.

PRIMEFACES. **Dentro do PrimeFaces 2.2** - Artigo Revista Java Magazine 93 <<http://www.devmedia.com.br/por-dentro-do-primefaces-2-2-artigo-revista-java-magazine-93/21651#ixzz2lyhTGzu0>>. Acesso em: 11/12/2013.

SOBIOLOGIA, Disponível em:

<http://www.sobiologia.com.br/conteudos/figuras/quimica_vida > Acesso em: 10 Dez. 2013.

SHUJA, A. K., Krebs, J. (2007), IBM Rational Unified Process Reference and Certification Guide. **JAVA. O que é Java.** Disponível em: <http://www.java.com/pt_BR/download/faq/whatis_java.xml>. Acesso em: 11/12/2013.

TOMCAT. Conheça o Apache Tomcat.

<<http://www.devmedia.com.br/conheca-o-apache-tomcat/4546#ixzz2lyiFAxNp>>. Acesso em: 11/12/2013.

APENDICE – DOCUMENTAÇÃO DO SOFTWARE

DIAGRAMAS UML

Diagrama de Classes de Análise

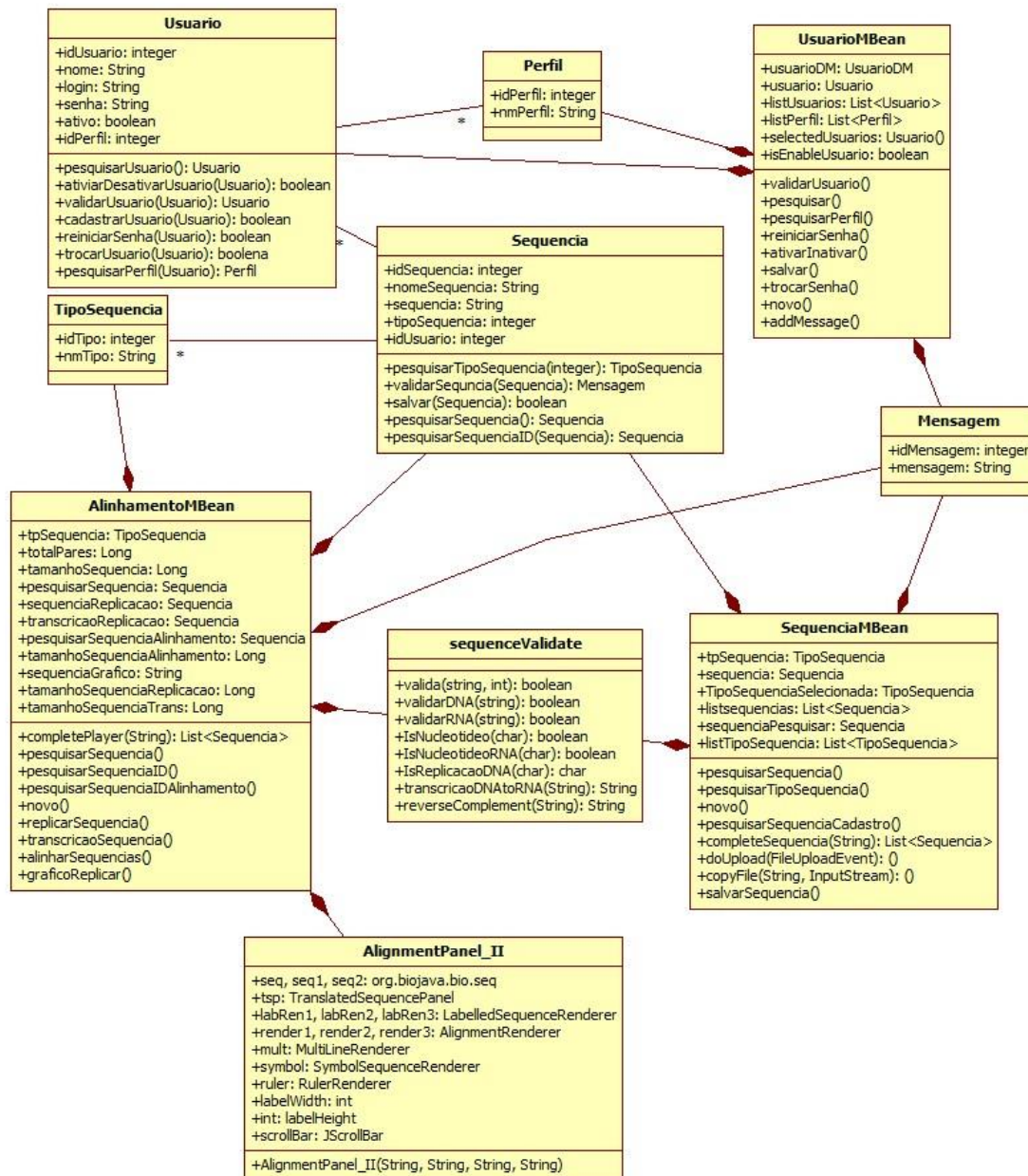


Figura 51 -Diagrama de Classes de Análise. Fonte: O Autor (2014)

Diagrama Entidade-Relacionamento

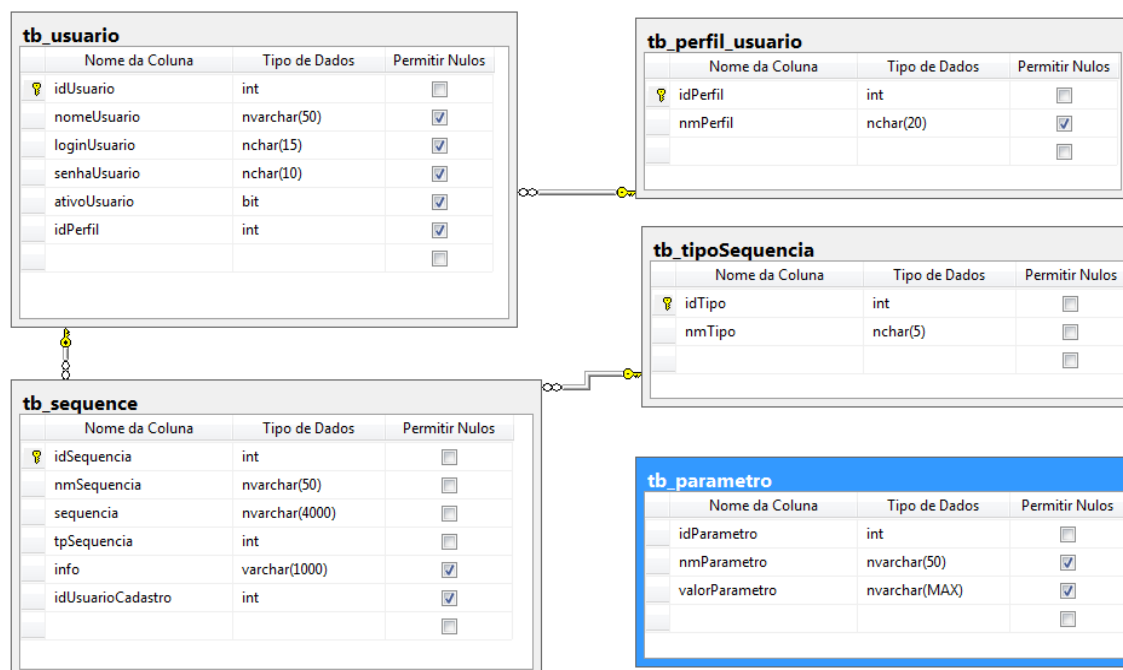


Figura 52- Diagrama Entidade-Relacionamento. Fonte: O Autor (2014)

Documento de Visão

Introdução

A finalidade deste documento é coletar, analisar e definir as necessidades e características de nível superior do sistema ProGenFx. Ele enfoca os recursos de que os envolvidos e usuários-alvo precisam e mostra por que essas necessidades existem. Os detalhes de como o sistema ProGenFx atende a essas necessidades estão descritos nas especificações suplementares e de caso de uso.

Posicionamento

1.3 Descrição do Problema

O problema	Não existência de uma ferramenta para auxiliar os professores de biologia em sala de aula no conteúdo de biologia molecular.
Afeta	Alunos.
cujo impacto é	Dificuldade de aprendizagem do conteúdo.
uma boa solução seria	Um sistema web de fácil usabilidade.

Descrições dos Envolvidos e Usuários

1.4 Resumo dos Envolvidos

Nome	Descrição	Responsabilidades
Aline	Gerente, Analista de Sistema, Desenvolvedor e Testador.	<ul style="list-style-type: none"> Desenvolver toda a documentação necessária para o sistema; Implementar a ferramenta Executar os testes; Realizar implantação.

Visão Geral do Produto

O produto deste projeto é um software para análise de sequência genética. O objetivo é que a informação esteja centralizada e obtenha-se controle do processo como um todo. Estarão disponíveis os seguintes módulos:

- Módulo de cadastro de usuários
 - Cada usuário deve possuir uma senha e uma chave para o sistema. Se o usuário é novo no sistema, na primeira vez que entrar, deve exibir a opção para troca de senhas.

- Módulo de cadastro de Sequência Genética

O usuário poderá realizar cadastros manuais de sequências inteiras de DNA, RNA ou proteínas ou cadastrar partes de uma sequência. No momento do cadastro, deverá informar qual o tipo de sequência (DNA ou RNA). Internamente, o sistema guardará essa informação. Haverá também um campo para escrever o nome e um campo para descrever uma observação caso seja necessário.

- Módulo Importação de sequência genética

O usuário poderá importar várias sequências genéticas, podendo ser: Partes de uma sequência; Sequências inteiras; sequências do tipo RNA, DNA ou proteicas. O arquivo deverá seguir o formato FASTA definido para a sua importação.

- Módulo de comparação e análise de sequência genética:

O usuário poderá analisar uma sequência por partes ou sua totalidade bem como comparar uma sequência com a outra, sendo ela de origem manual ou importação.

- Módulo de análise 3d e geração de relatórios:

A geração de sequências em 3 dimensões facilitará na visualização dos dados genéticos. O relatório será configurado pelo usuário, ou seja, ele montará quais campos deve aparecer no relatório e qual filtro deve ser usado.

Diagrama Conceitual do Banco de Dados

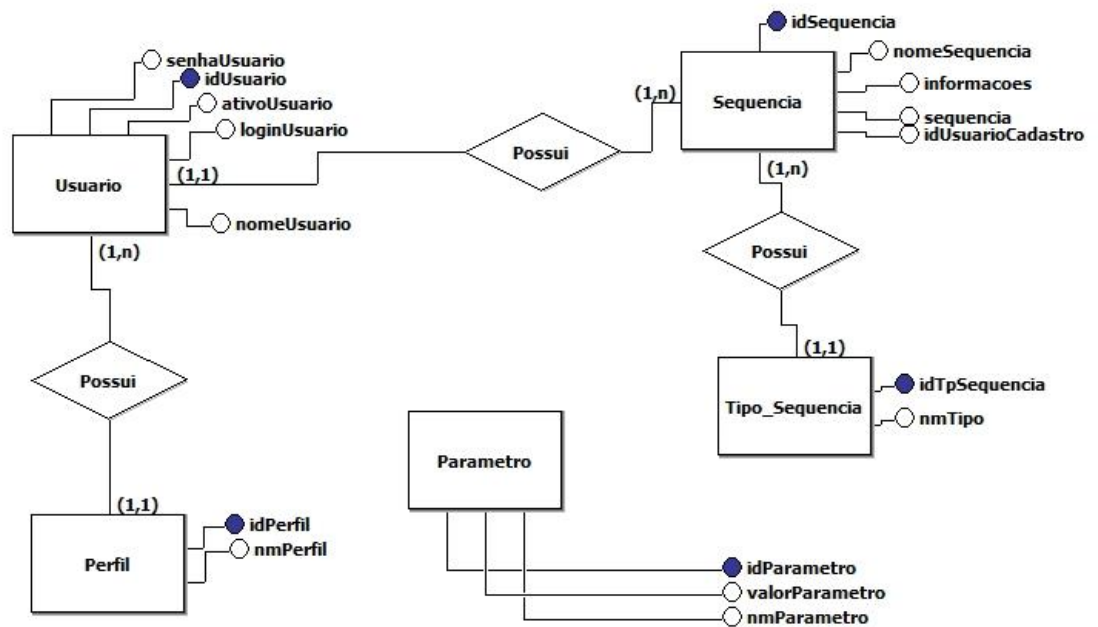


Figura 53 - Diagrama Lógico do Banco de Dados. Fonte: O Autor (2014)

Diagrama Lógico do Banco de Dados

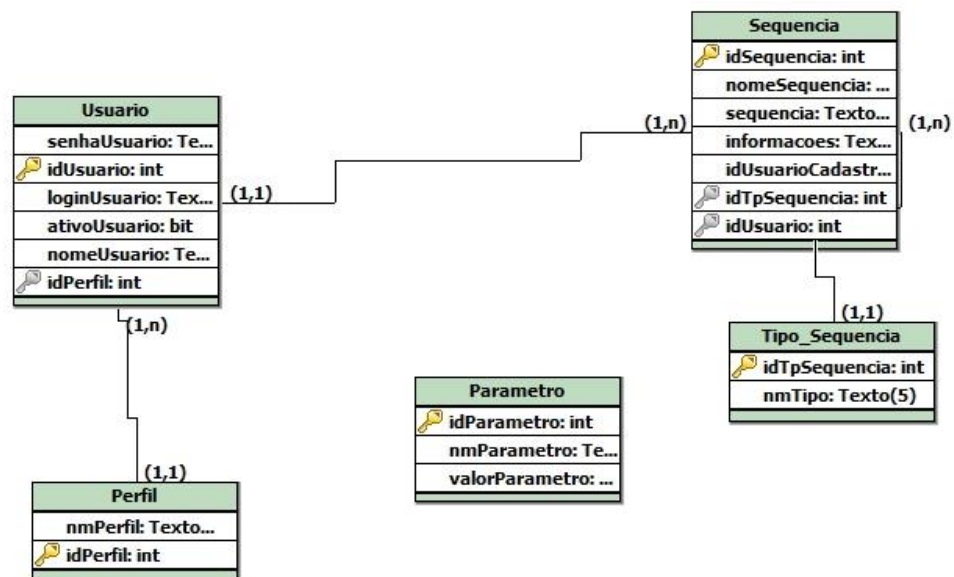


Figura 54 - Diagrama Lógico do Banco de Dados. Fonte: O Autor (2014)

Diagrama de Caso de Uso

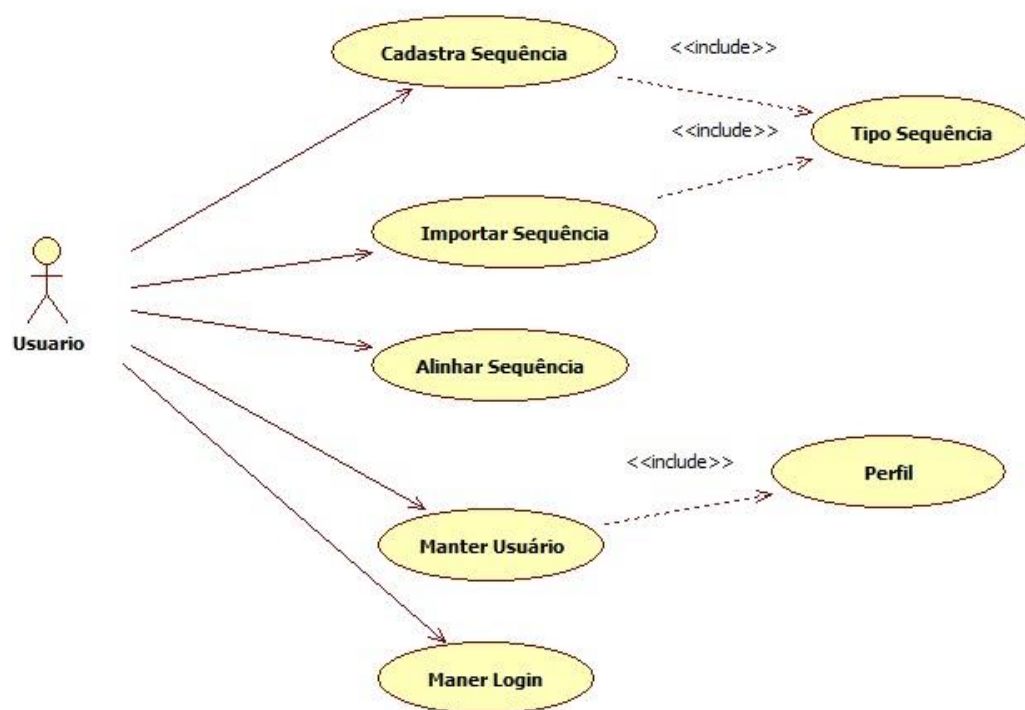


Figura 55 - Diagrama de Caso de Uso. Fonte: O Autor (2014)

Especificação de Caso de Uso

UC001 – Manter Login

Controle do Documento

Versão	Autor	Data	Descrição
1.0	Aline Alves	05/01/2013	Elaboração
1.1	Aline Alves	16/01/2013	Alteração
1.2	Aline Alves	16/04/2013	Alteração
1.3	Aline Alves	17/04/2013	Alteração
1.4	Aline Alves	25/11/2013	Alteração

Descrição

Este caso de uso serve para acessar o sistema.

Data Views

DV1 - Tela Login

Figura 56 Tela Login – Manter Login. Fonte: O Autor (2013)

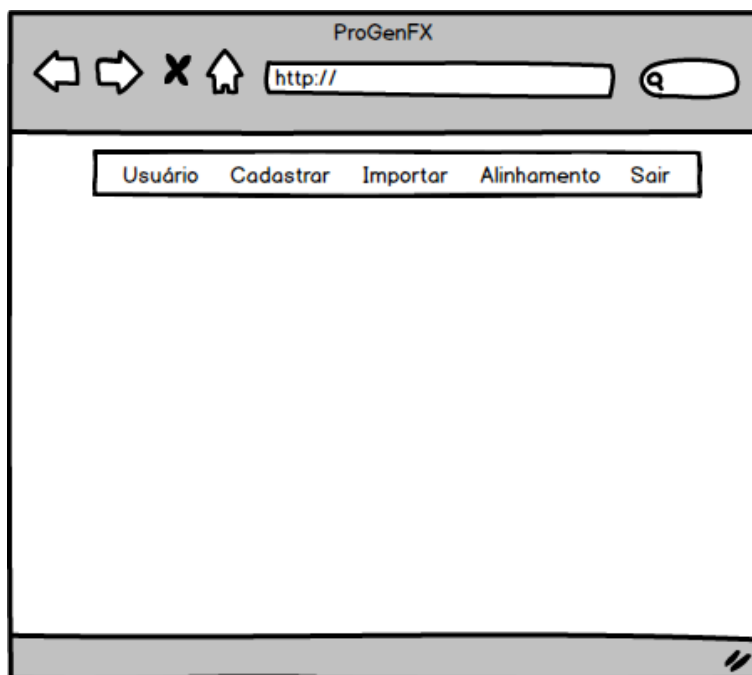
DV2 - Tela principal

Figura 57 Tela Principal - Manter Login. Fonte: O Autor (2013)

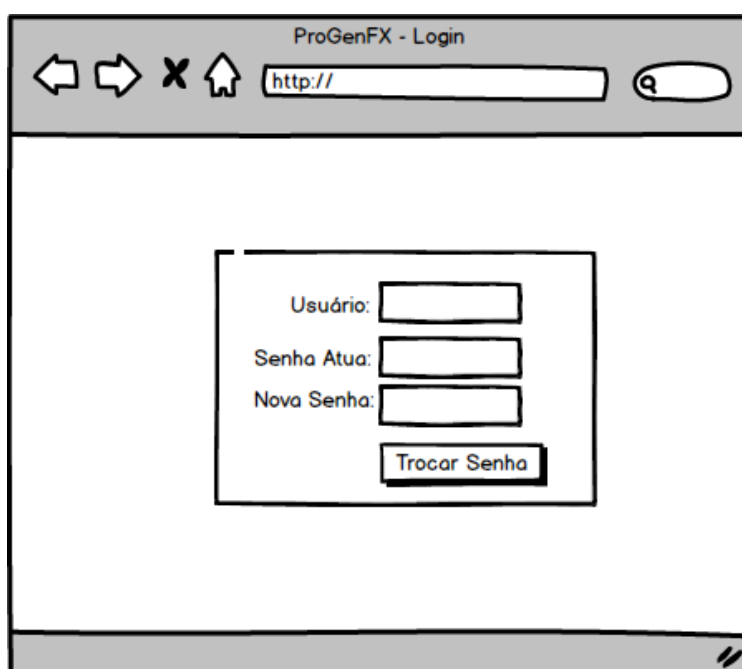
DV3 – Trocar Senha

Figura 58 Tela Trocar Senha – Manter Login. Fonte: O Autor (2013)

Pré-condições

Este caso de uso pode iniciar somente se:

1. **Usuário possuir permissão no sistema.**

Pós-condições

Após o fim normal deste caso de uso o sistema deve:

1. Acessar o sistema.

Ator Primário

Usuário

Fluxo de Eventos Principal

1. O sistema apresenta a tela (DV1);
2. O usuário preenche o campo “Usuário”;
3. O usuário preenche o campo “Senha”;
4. O usuário clicar no botão “Entrar” (A1)(A2)(A3)(A4)(A5);
5. O sistema retorna o resultado da consulta (E3)(E4) ;
6. O sistema apresenta a tela (DV2);
7. O caso de uso é finalizado.

Fluxos Alternativos

A1: Informar apenas o campo “Usuário”.

1. O usuário preenche o campo “Usuário”;
2. O usuário clicar no botão “Entrar” (E1);

A2: Informar apenas o campo “Senha”.

1. O usuário preenche o campo “Senha”;
2. O usuário clicar no botão “Entrar” (E2);

A3: Usuário não informa nem o campo “Usuário” nem o campo “Senha”

1. O sistema apresenta a tela (DV1);
2. O usuário clicar no botão “Entrar” (E1)(E2);

A4: Usuário clica no botão “Trocar Senha”

1. O sistema apresenta a tela (DV3);
2. O usuário preenche o campo “Usuário”;
3. O usuário preenche o campo “Senha Atual”;

4. O usuário preenche o campo “Nova Senha”;
5. O usuário clicar no botão “Trocar Senha” (E1)(E2)(E3)(E4)(E5);

Fluxos de Exceção

E1. Campos obrigatórios não preenchidos - Usuário:

1. O sistema retorna a mensagem “Por favor, informe seu [Login]”.
2. O Use Case é reiniciado.

E2. Campos obrigatórios não preenchidos - Senha:

1. O sistema retorna a mensagem “Por favor, informe sua [Senha]”.
2. O Use Case é reiniciado.

E3. Usuário não existente.

1. O sistema verifica que o Usuário não existe
2. O sistema emite a mensagem “[Usuário] ou [Senha] inválido. Favor verificar”
3. Retorna ao fluxo principal

E4. Senha do usuário não correspondente.

1. O sistema verifica se a senha informada corresponde a senha cadastrada para o usuário;
2. O sistema emite a mensagem “[Usuário] ou [Senha] inválido. Favor verificara”;
3. Retorna ao fluxo principal.

E5: Novo usuário no sistema.

1. O sistema solicita troca de senha ao usuário, emitindo a mensagem “Por favor, alterar sua [Senha]”(A4);
2. Retorna ao fluxo principal.

E6. Campos obrigatórios não preenchidos – Nova Senha:

1. O sistema retorna a mensagem “Por favor, alterar sua [Senha]”.
2. O Use Case é reiniciado.

E6. Senha Atual igual Nova Senha:

1. O sistema retorna a mensagem “Por favor, informe uma senha diferente da senha atual”.
2. O Use Case é reiniciado.

Diagrama de Caso de Uso Negocial (Iteração 1)

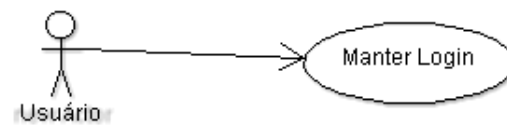


Figura 59 Diagrama de caso de Uso Negocial – Manter Login. Fonte: O Autor (2013)

Diagrama de Sequência

Fluxo Principal:

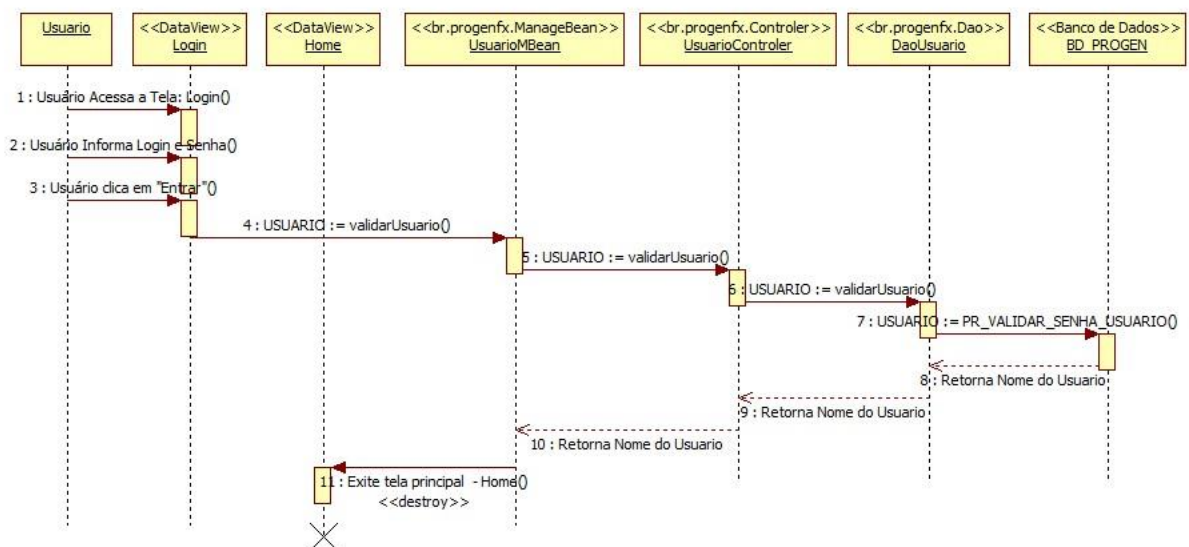


Figura 60 Diagrama de Sequência – Manter Login. Fonte: O Autor (2013)

Fluxo Alternativo: A1

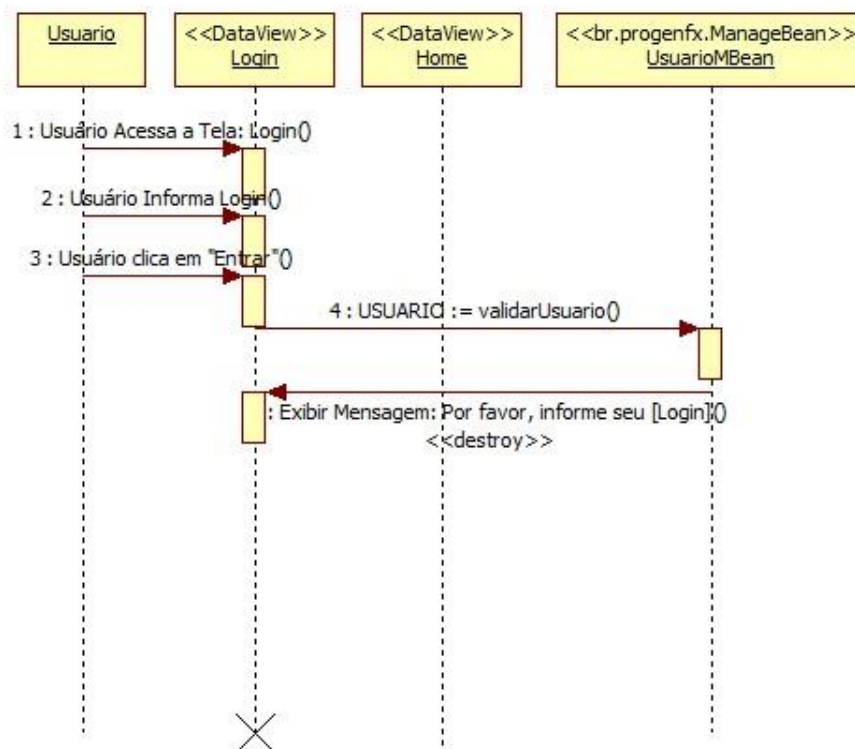


Figura 61 Diagrama de Sequência – Fluxo Alternativo A1 – Manter Login. Fonte: O Autor (2013)

Fluxo Alternativo: A2

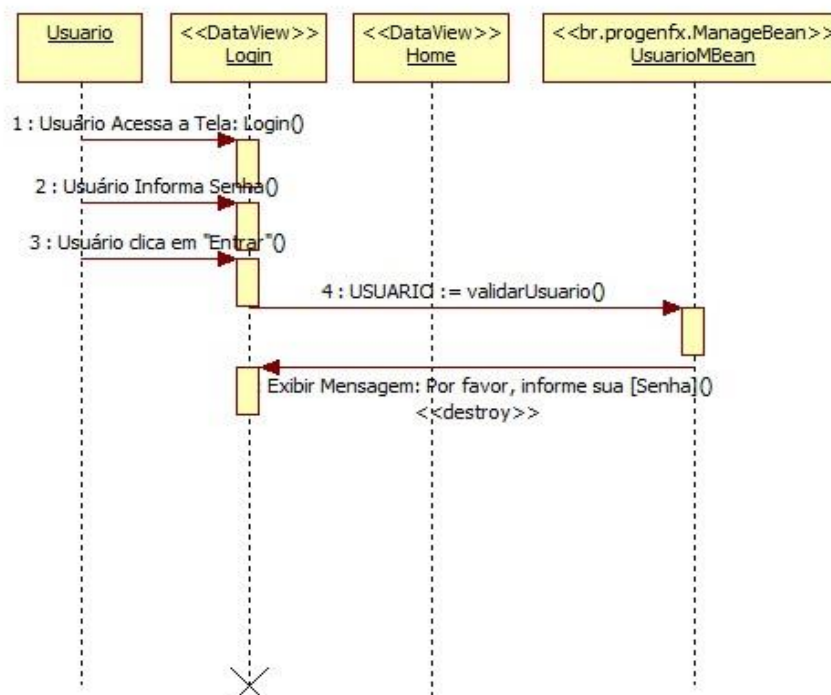


Figura 62 Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo – A2 – Manter Login. Fonte: O Autor (2013)

Fluxo Alternativo: A3

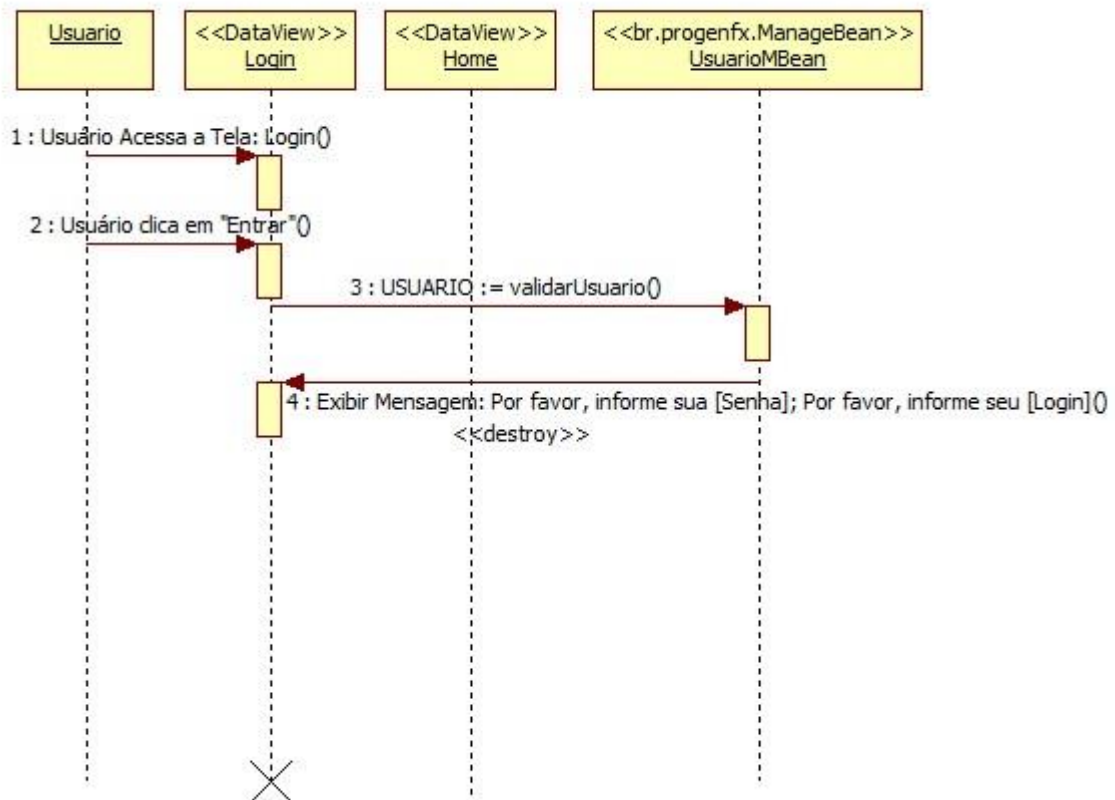


Figura 63 Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo – A3 – Manter Login. Fonte: O Autor (2013)

Fluxo Alternativo: A4

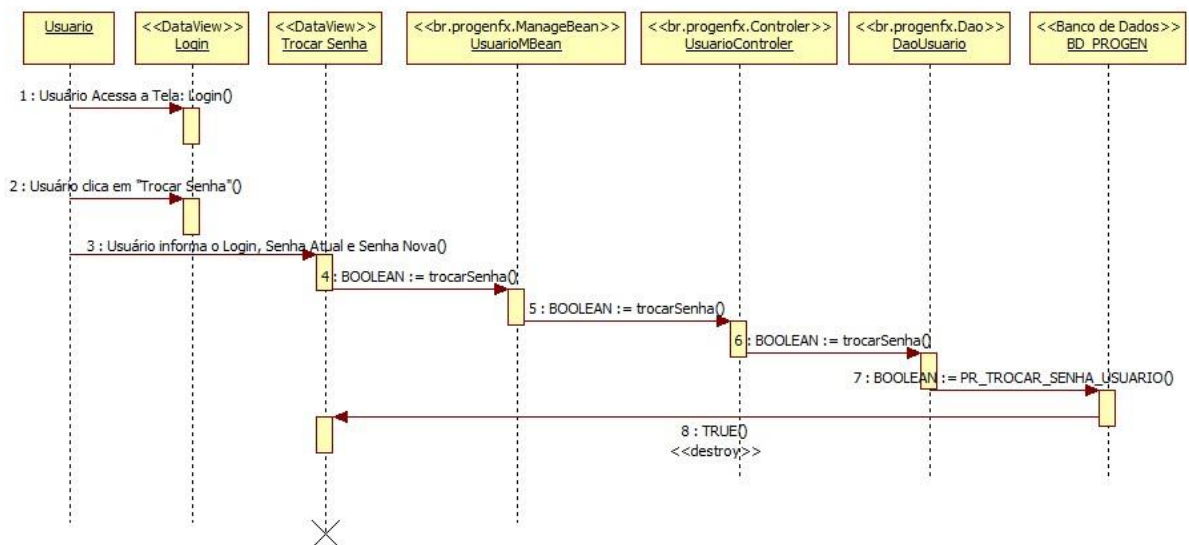


Figura 64 Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo – A4– Manter Login. Fonte: O Autor (2013)

Diagrama de Classe

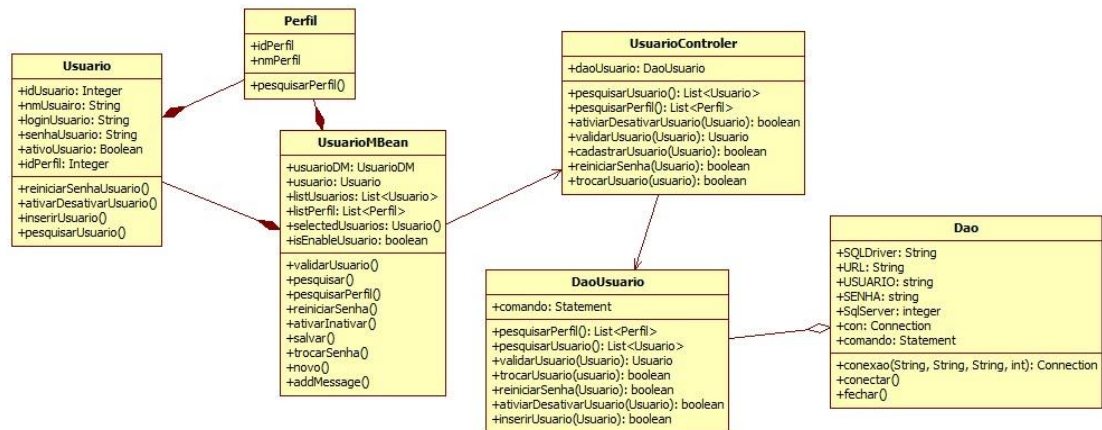


Figura 65 Diagrama de Classe – Manter Login. Fonte: O Autor (2013)

Diagrama de Banco de dados

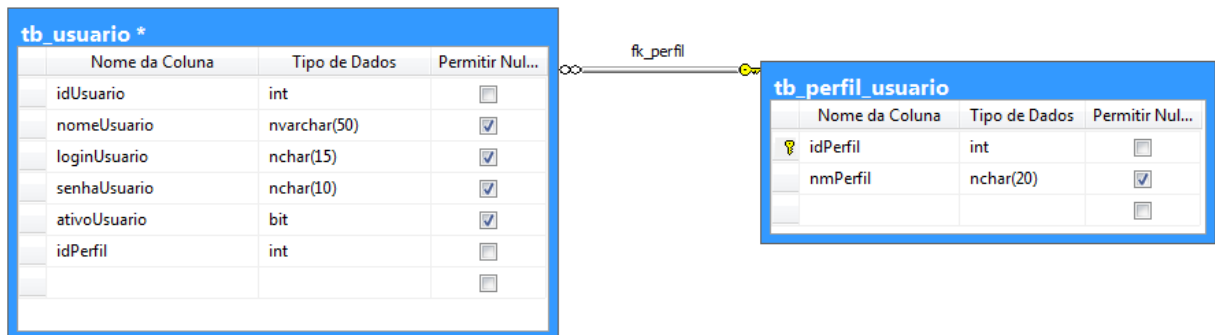


Figura 66 Diagrama de Banco de dados – Manter Login. Fonte: O Autor (2013)

UC002 – Manter Usuário

Controle do Documento

Versão	Autor	Data	Descrição
1.0	Aline Alves	05/01/2013	Elaboração
1.1	Aline Alves	26/11/2013	Alteração
1.2	Aline Alves	02/12/2013	Alteração

Descrição

Este caso de uso serve para cadastrar usuários no sistema.

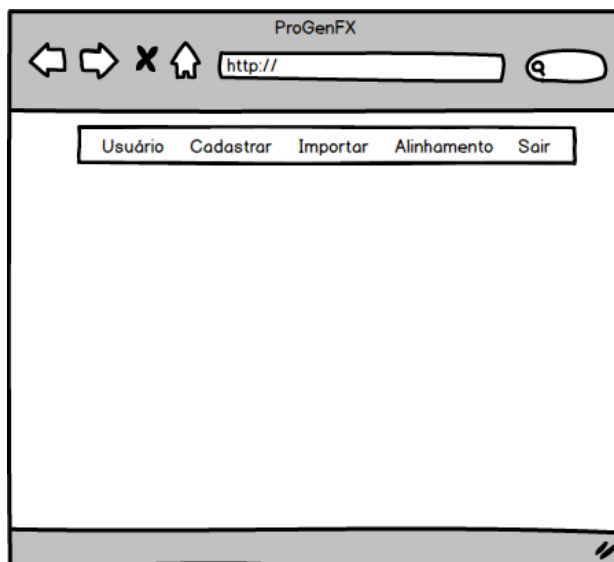
Data Views**DV1 - Tela principal**

Figura 67 Tela Principal – Manter Usuário. Fonte: O Autor (2013)

DV2- Tela de cadastro de usuário

Cadastrar Usuário

Novo Salvar

Nome:

Senha:

Perfil: Admin ▼
Usuário

Name	Login	Perfil	Ativo

Detalhes Ativar/Desativar

Figura 68 Tela de Cadastro de usuário – Manter Usuário. Fonte: O Autor (2013)

Pré-condições

Este caso de uso pode iniciar somente se:

2. Ter executado o caso de uso UC001_- _Manter_Login
3. Usuário possuir perfil de Administrador.

Pós-condições

Após o fim normal deste caso de uso o sistema deve:

2. Acessar a funcionalidade de cadastro de usuário.

Ator Primário

Administrador.

Fluxo de Eventos Principal

8. O sistema apresenta a tela (DV1)
9. O Administrador clicar na opção Usuário(DV2)(A1)(A2)(A3)(RN01).
10. O Administrador clicar no botão “Novo”.
11. O Administrador informa o Usuário.
12. O Administrador informa o Nome do usuário.
13. O Administrador informa o Perfil do usuário.
14. O Administrador clica em Salvar(RN02)(RN03)(M3).

Fluxos Alternativos

A1: Não clicar em “Usuário”.

3. O Sistema redireciona o usuário para a opção do menu selecionada.
4. O caso de uso é finalizado.

A2: O Administrador inativa o usuário selecionado.

3. O Administrador seleciona o usuário que deseja inativar;
4. O Administrador desmarca a opção “Status”;
5. O Administrador clicar no botão “Ativar/Inativar”.

A3: O Administrador reinicia a senha do usuário selecionado

1. O Administrador seleciona o usuário que deseja reiniciar a senha;
2. O Administrador Clica no botão “Detalhes” (RN02);
3. O Administrador clicar no botão “Reiniciar Senha”.

Fluxos de Exceção

E1. Campos obrigatórios não preenchidos:

3. O sistema retorna a mensagem(M1).
4. O Use Case é reiniciado.

E3. Usuário já cadastrado.

4. O sistema valida se o usuário informado está cadastrado
5. O sistema emite a mensagem(M2);
6. Retorna ao fluxo principal.

Mensagens

M1. “Existem campos obrigatórios que deverão ser preenchidos. Por favor, verifique”.

M2. “Usuário já Cadastrado”;

M3. “Operação realizada com Sucesso”;

Regras de Negócio

RN01. Campos

Nome do Campo	Descrição	Obrig	Tipo de Campo	Máscara	Tam. Mín.	Tam. Máx.	Detalhe
Usuário	Login do usuário	X	Texto		5	20	
Nome	Nome do usuário	X	Texto		5	50	
Perfil	Perfil do usuário	X	Texto		-	-	Vem preenchido com os valores: “Usuário” “Admin”

RN02. Senha inicial

Para cada usuário cadastrado a senha inicial deverá ser “123”

RN03. Perfil

O usuário cadastrado não poderá ter mais de um perfil vinculado.

RN04. Usuário inativo

Os usuários cuja opção Status estiver desmarcada, não terão acesso ao sistema.

Diagrama de Caso de Uso Negocial (Iteração 1)

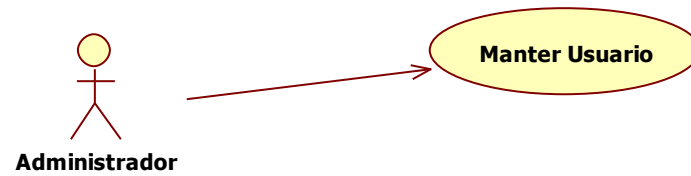


Figura 69 Diagrama de Caso de Uso Negocial – Manter Usuário. Fonte: O Autor (2013)

Diagrama de Sequência

Fluxo Principal

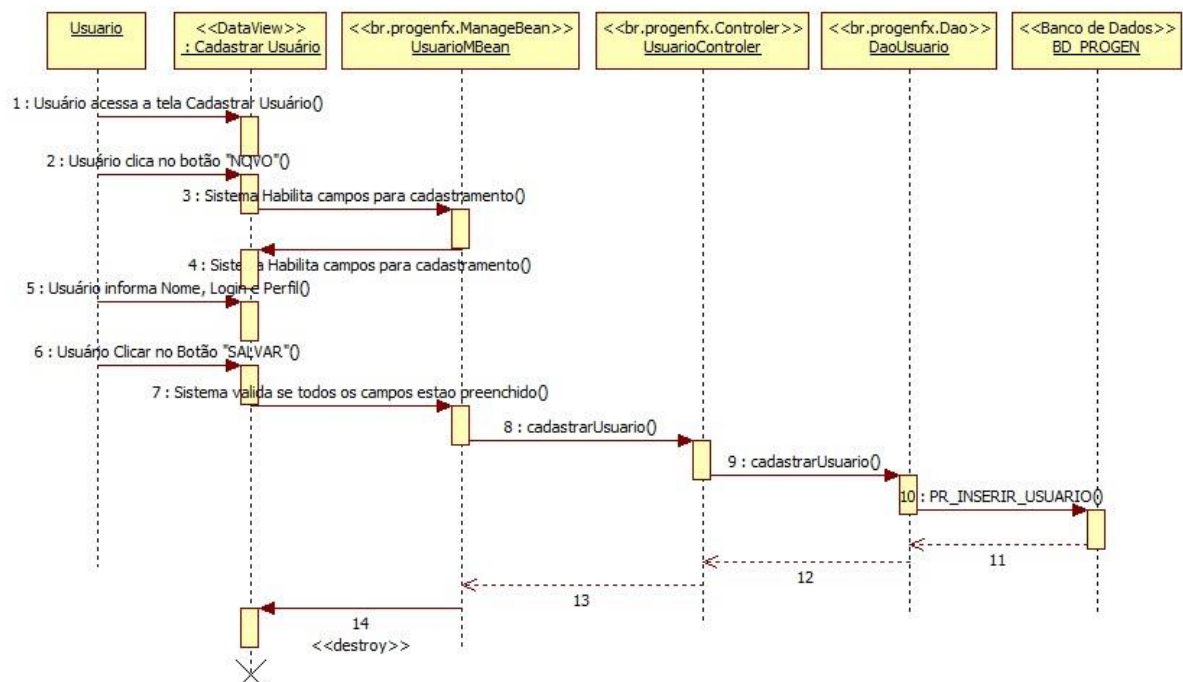


Figura 70 Diagrama de Sequência – Manter Usuário. Fonte: O Autor (2013)

A1: Não clicar em “Usuário”.

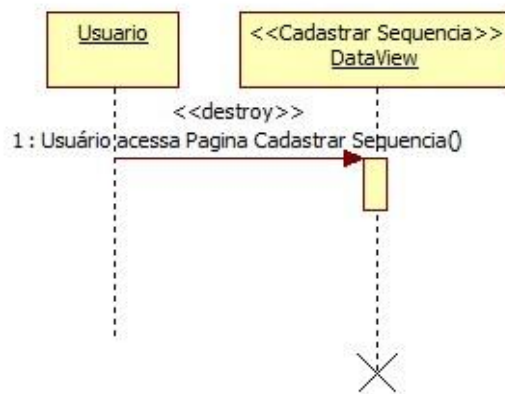


Figura 71 Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo – A1 – Manter Usuário. Fonte: O Autor (2013)

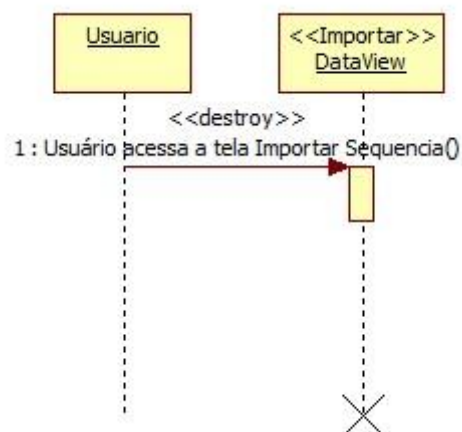


Figura 72 Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo – A1 – Manter Usuário. Fonte: O Autor (2013)

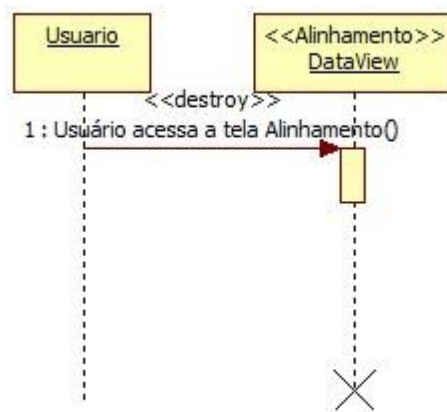


Figura 73 Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo – A1 – Manter Usuário. Fonte: O Autor (2013)



Figura 74 Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo – A1 – Manter Usuário. Fonte: O Autor (2013)

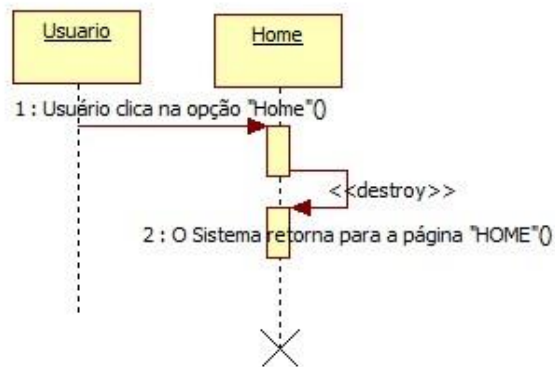


Figura 75 Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo – A1– Manter Usuário. Fonte: O Autor (2013)

A2: O Administrador inativa o usuário selecionado.

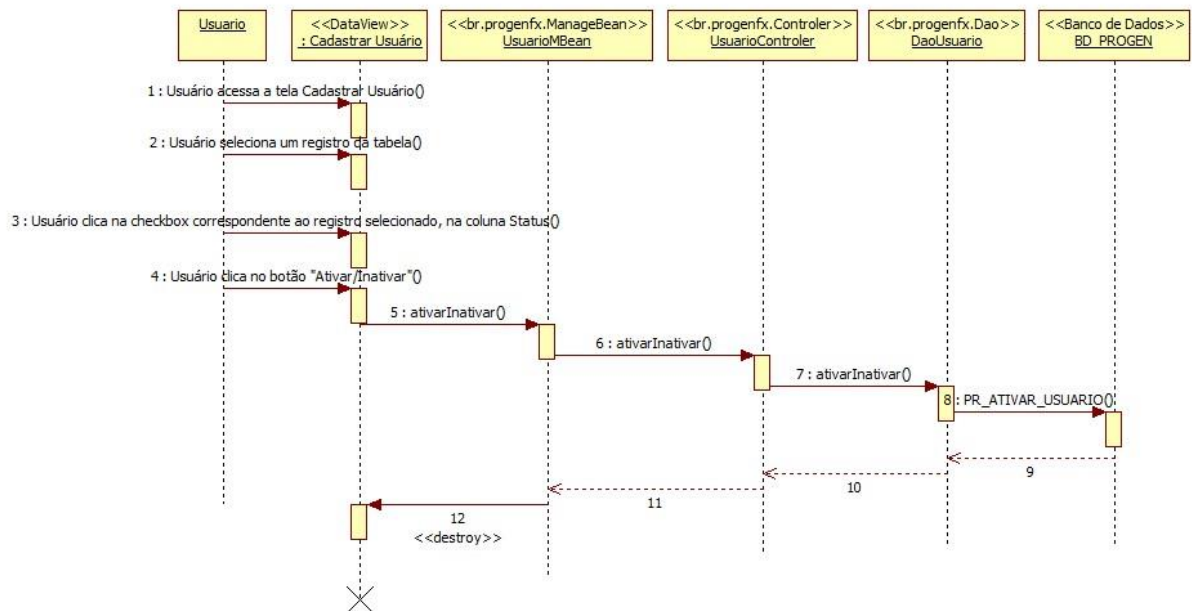


Figura 76 Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo – A2 – Manter Usuário. Fonte: O Autor (2013)

A3: O Administrador reinicia a senha do usuário selecionado

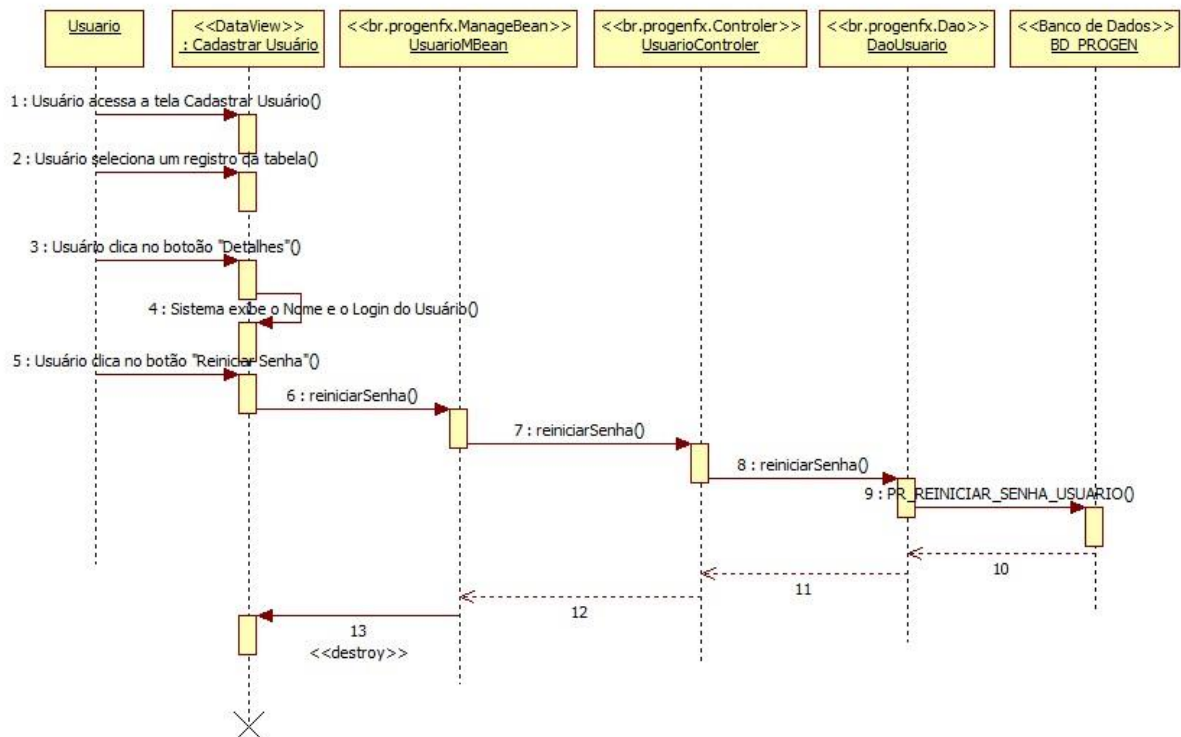


Figura 77 Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo – A3 – Manter Usuário. Fonte: O Autor (2013)

Diagrama de Classe

Iteração3

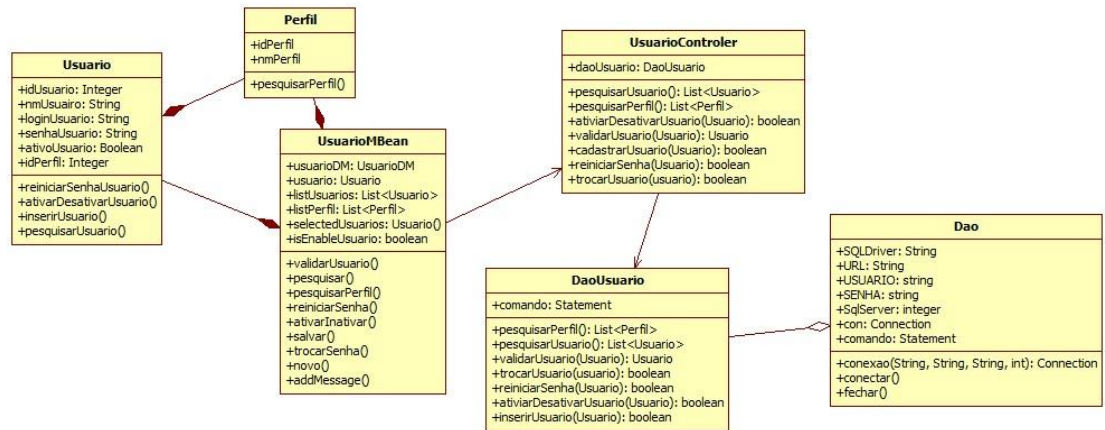


Figura 78 Diagrama de Classe – Manter Usuário. Fonte: O Autor (2013)

Diagrama de Banco de dados

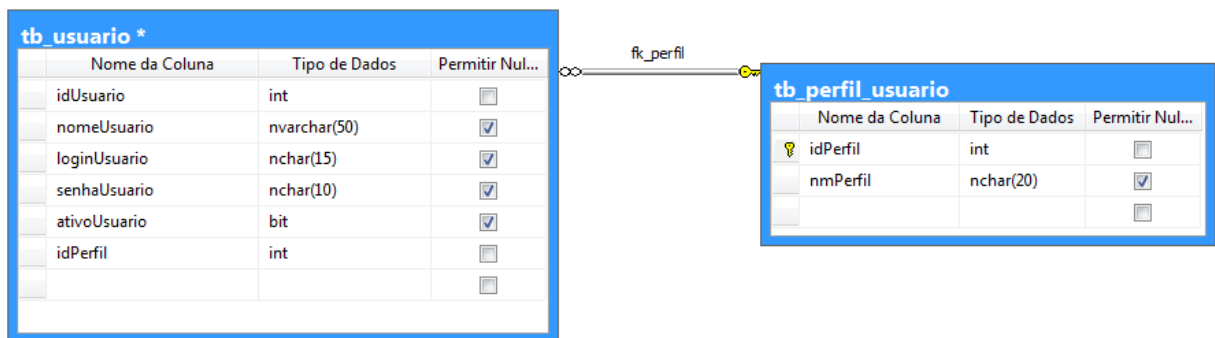


Figura 79 Diagrama de Banco de Dados – Manter Usuário. Fonte: O Autor (2013)

UC003 – Manter Sequência

Controle do Documento

Versão	Autor	Data	Descrição
1.0	Aline Alves	05/01/2013	Elaboração
1.1	Aline Alves	05/12/2013	Alteração

Descrição

Este caso de uso serve para pesquisar, incluir, alterar sequências genéticas.

Data Views

DV1 - Tela Login

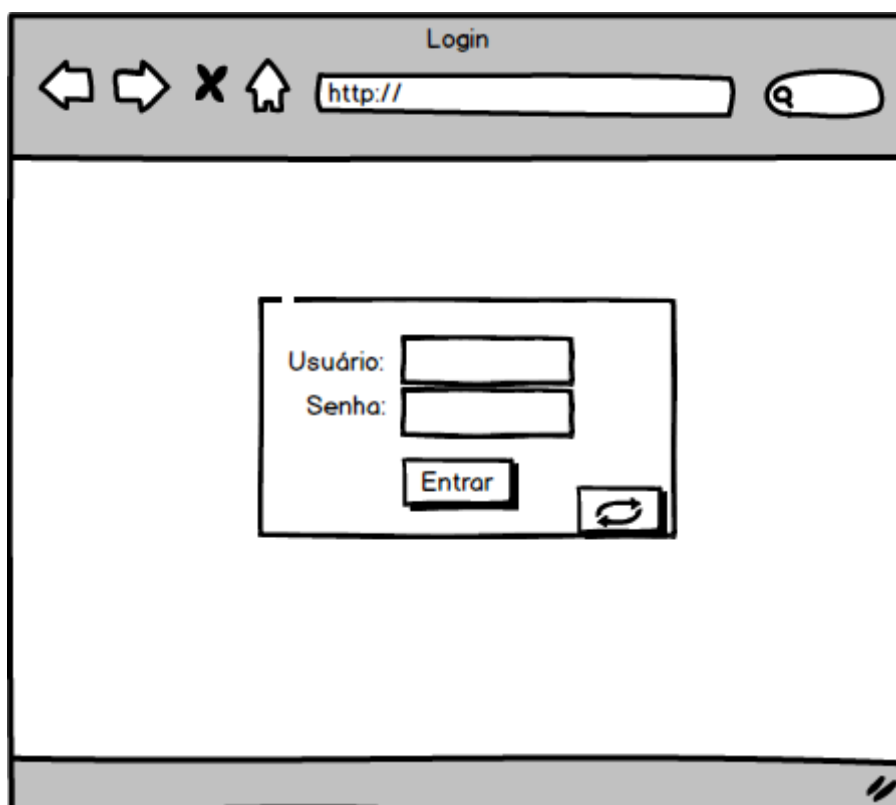


Figura 80 Tela Login – Manter Sequência. Fonte: O Autor (2013)

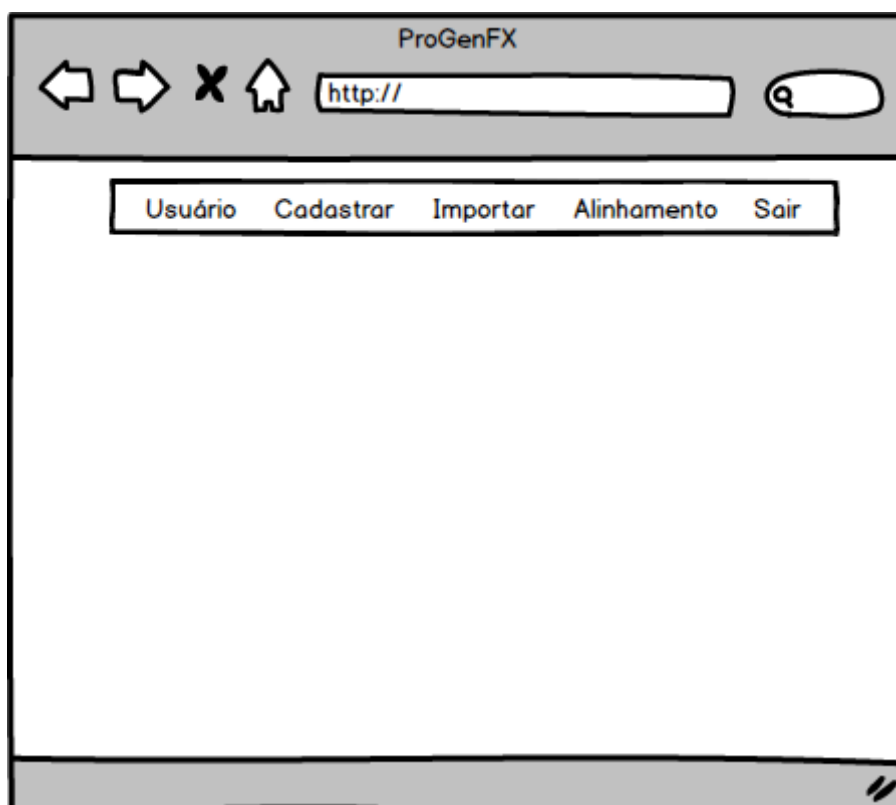
DV2 - Tela principal

Figura 81 Tela Principal – Manter Sequência. Fonte: O Autor (2013)

DV3 - Tela principal do cadastro de sequência

Cadastrar Sequencia

← → ✕ 🏠 http:// 🔍

Novo Salvar

Pesquisar

Nome

Molécula

DNA ▼

Sequencia

Informações

Figura 82 Tela Principal do Cadastro de Sequência – Manter Sequência. Fonte: O Autor (2013)

DV4 – Pesquisar

O diagrama representa a interface de uma aplicação web. No topo, há uma barra de título com o texto "Cadastrar Sequencia". Abaixo dela, uma barra de navegação contém ícones de setas e um campo de URL com o texto "http://".

Logo abaixo, há uma barra de ação com os botões "Novo" (destacado em azul) e "Salvar".

O corpo principal da interface é dividido em seções:

- Pesquisar:** Um formulário com o rótulo "Nome" e um campo de entrada de texto, seguido por um ícone de lupa.
- Nome:** Um campo de entrada de texto.
- Molécula:** Um menu suspenso com o valor "DNA" selecionado e uma seta para baixo.
- Sequencia:** Um grande campo de entrada de texto.
- Informações:** Um campo de entrada de texto.

Na base da interface, há uma barra cinza com um ícone de menu no canto inferior direito.

Figura 83 Tela Pesquisar – Manter Sequência. Fonte: O Autor (2013)

Pré-condições

Este caso de uso pode iniciar somente se:

4. O sistema tiver executado o UC001 – Login;
5. Usuário possuir permissão cadastrar sequência genéticas.

Pós-condições

Após o fim normal deste caso de uso o sistema deve:

3. Ter realizado a inclusão de uma sequência genética.

Ator Primário

Usuário

Fluxo de Eventos Principal

15. O sistema apresenta a tela (DV3)(A3)(DV4);
16. O usuário preenche o campo Nome;
17. O usuário escolhe o tipo de Sequência que será cadastrada (A1);
18. O usuário preenche o campo Sequência (R1);
19. O usuário pode preencher o campo Informações (R2);
20. O usuário clicar no botão Salvar (A2);
21. O sistema retorna o resultado da consulta (E1) (E2) (E3);
22. O caso de uso é finalizado.

Fluxos Alternativos

A1: Selecionar um tipo de Sequência.

5. O sistema carrega os tipos de Moléculas (DNA e RNA);
6. O usuário seleciona um dos dois tipos;

A2: Botão “Novo” pressionado.

1. O sistema limpa a tela de cadastro de Sequência genética.
2. O caso de uso é finalizado.

A3: Opção “Pesquisar” selecionada.

1. O usuário preenche o campo Nome;
2. O usuário clicar no botão “Pesquisar”;
3. O sistema exibe os dados da sequência pesquisada;
4. O caso de uso é finalizado.

Fluxos de Exceção

E1. Campos obrigatórios não preenchidos:

5. O sistema retorna a mensagem “Existem campos obrigatórios que deverão ser preenchidos. Por favor, preencha os campos que estão em destaque”.
6. O Use Case é reiniciado.

E2. Nome da sequência já cadastrada.

1. O sistema verifica que o Nome da sequência já está cadastrada.
2. O sistema emite a mensagem “Nome da sequência já cadastrada”;
3. Retorna ao fluxo principal.

E3. Sequência já cadastrada.

1. O sistema verifica que a Sequência já está cadastrada.
2. O sistema emite a mensagem “Sequência já cadastrada”;
3. Retorna ao fluxo principal.

E4. Validar Polinucleotídeo.

1. O sistema valida se a sequência informada é válida.
2. O sistema emite a mensagem “Erro ao validar Nucleotídeo”;
3. Retorna ao fluxo principal.

Regras de Negócio

R1. O campo “Moléculas” deve ser preenchido com os dados do Banco de Dados.

R2. Não é possível cadastrar duas ou mais sequências com a mesma notação de sequência

R3. Não é possível cadastrar duas ou mais sequências com o mesmo nome.

R4. O campo “Informações” não é obrigatório.

R5. Para sequências do tipo de molécula: DNA, somente é permitido cadastrar caracteres igual a: “A, T, C, G”

R6. Para sequências do tipo de molécula: DNA, somente é permitido cadastrar caracteres igual a: “A, T, C, G”

Diagrama de Caso de Uso Negocial (Iteração 1)

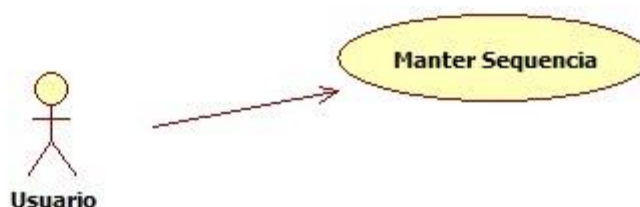


Figura 84 Diagrama de Sequência – Manter Sequência. Fonte: O Autor (2013)

Diagrama de Sequência

Fluxo Principal:

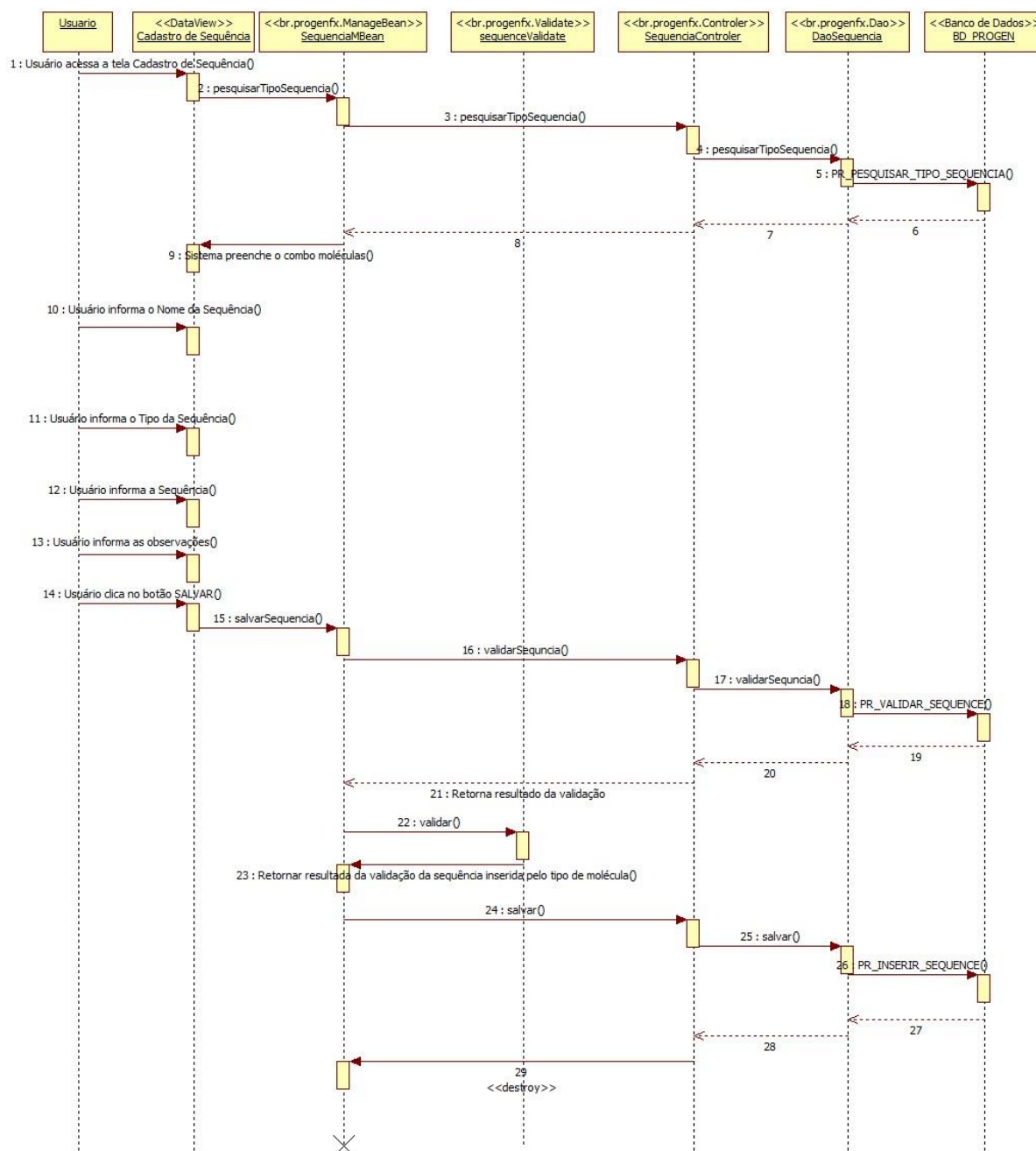


Figura 85 Diagrama de Sequência. Fluxo Principal – Manter Sequência. Fonte: O Autor (2013)

A1

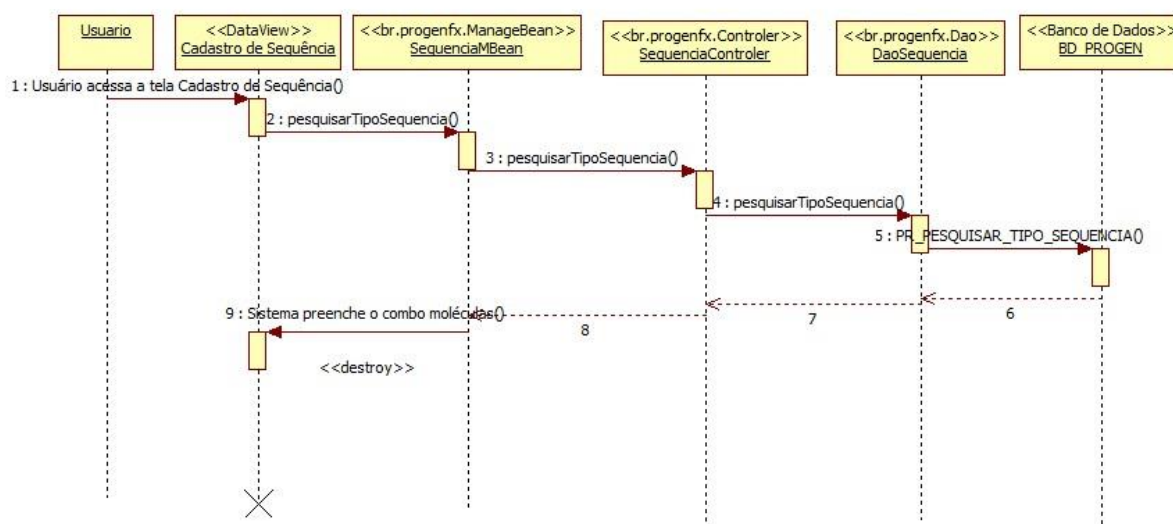


Figura 86 Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo – A1 – Manter Sequência. Fonte: O Autor (2013)

A2

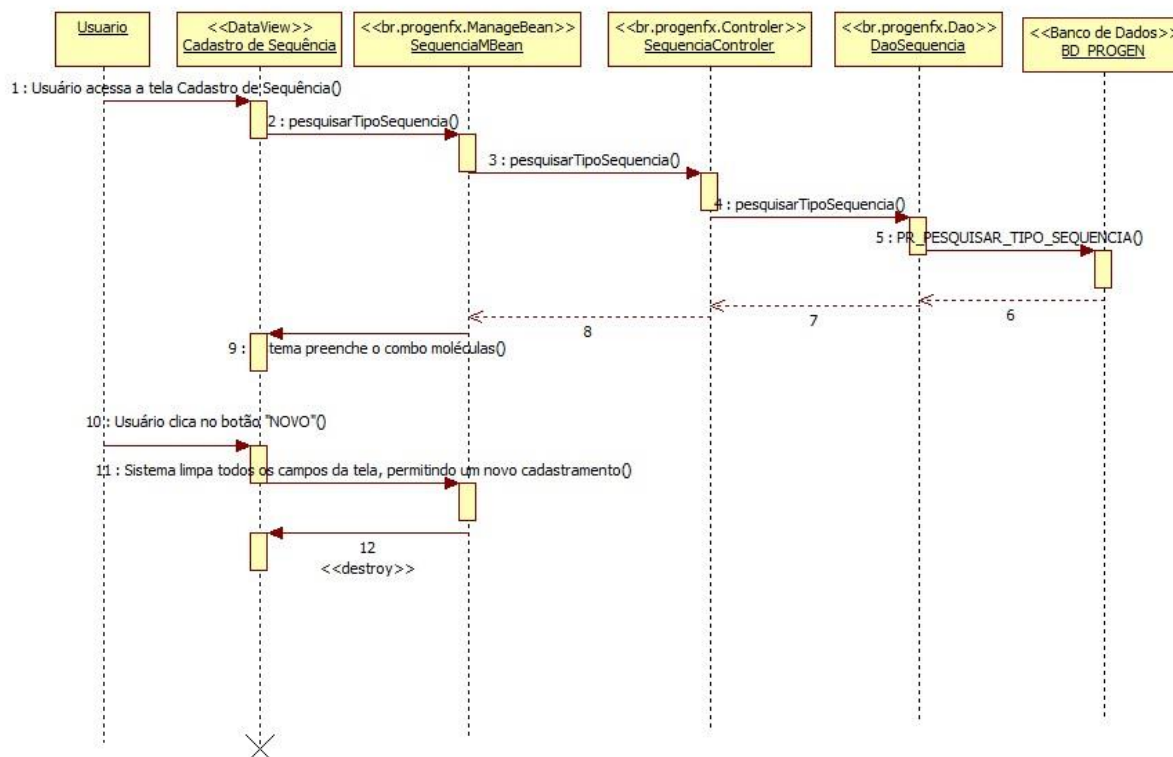


Figura 87 Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo – A2 – Manter Sequência. Fonte: O Autor (2013)

A3

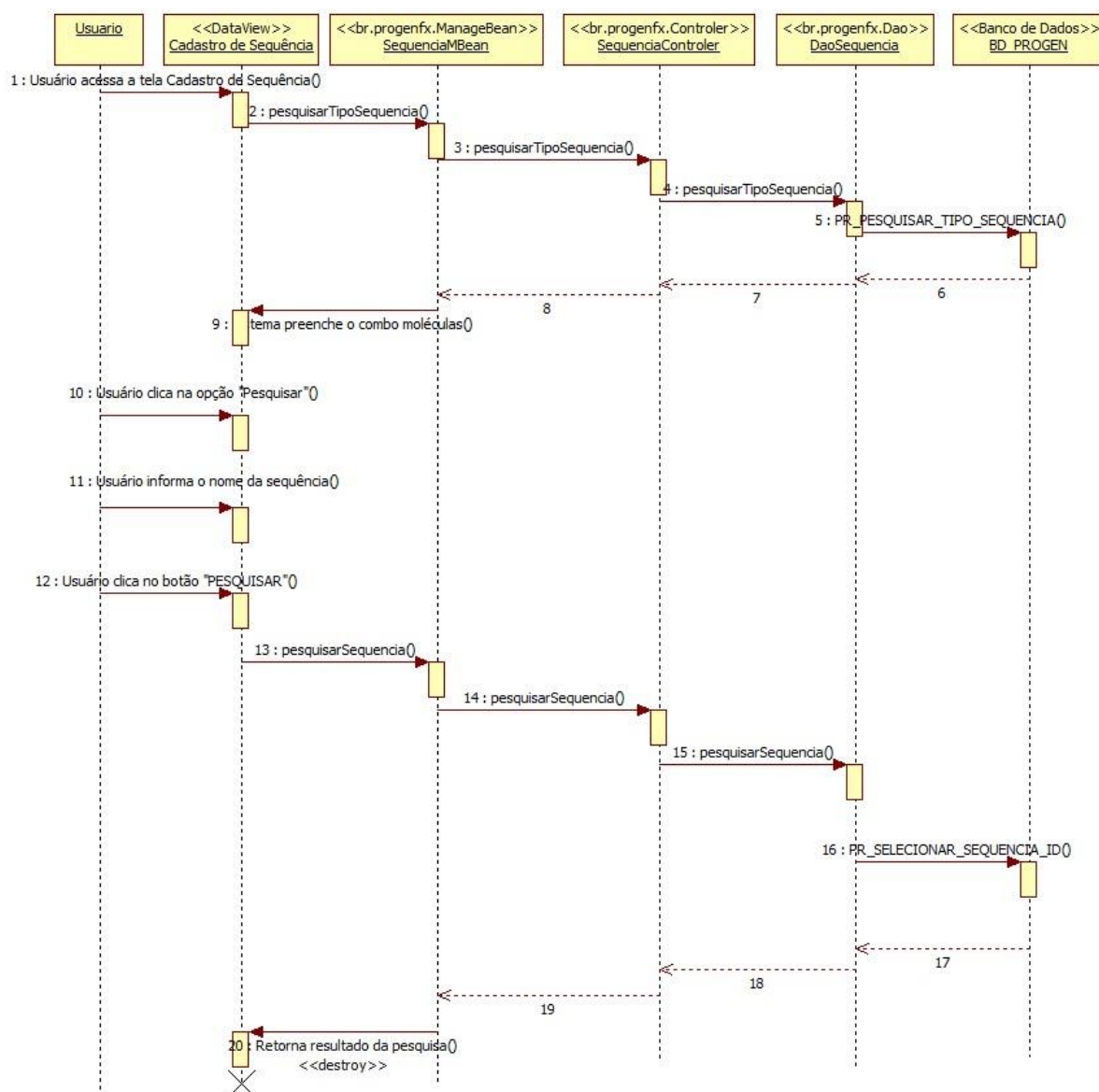


Figura 88 Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo – A3 – Manter Sequência. Fonte: O Autor (2013)

Diagrama de Atividade

Validar Sequência

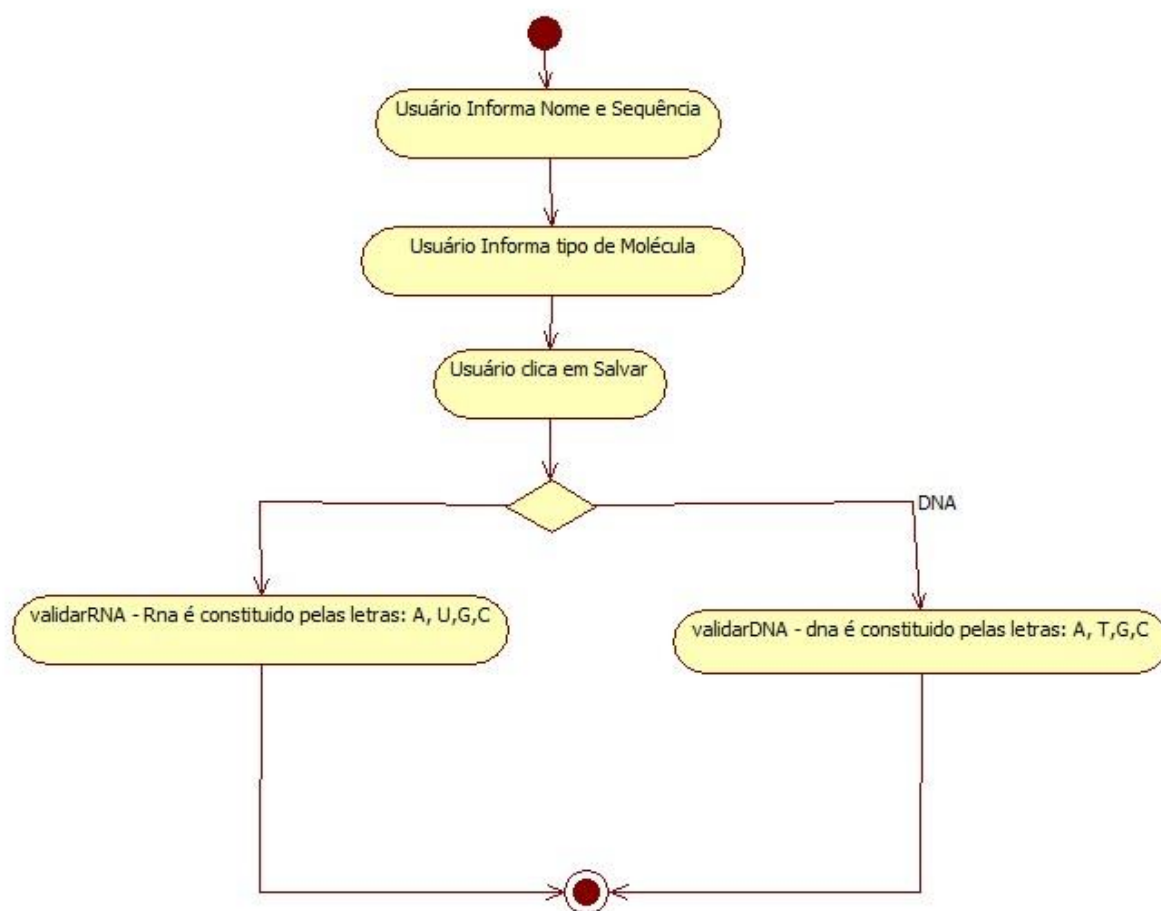


Figura 89 Diagrama de Atividade – Manter Sequência. Fonte: O Autor (2013)

Diagrama de Classe

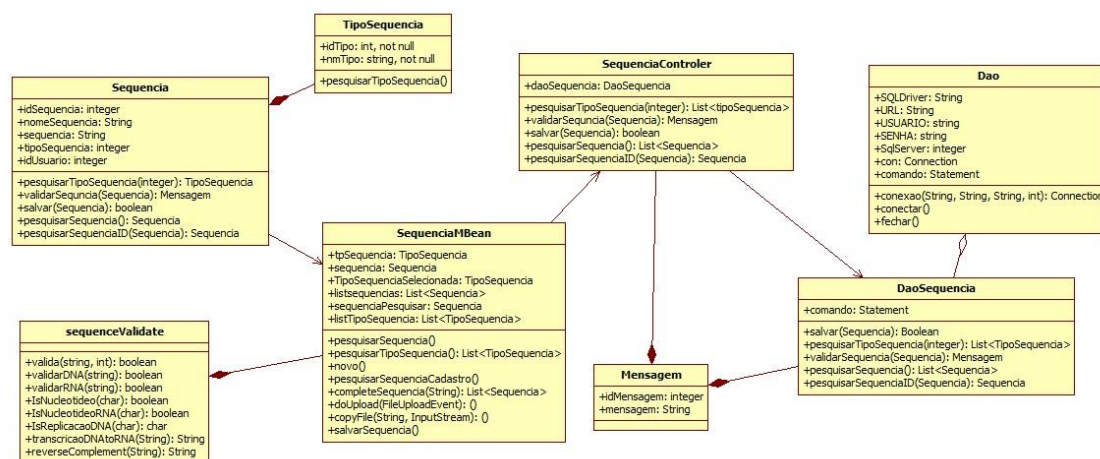


Figura 90 Diagrama de Classe – Manter Sequência. Fonte: O Autor (2013)

Diagrama de Banco de dados

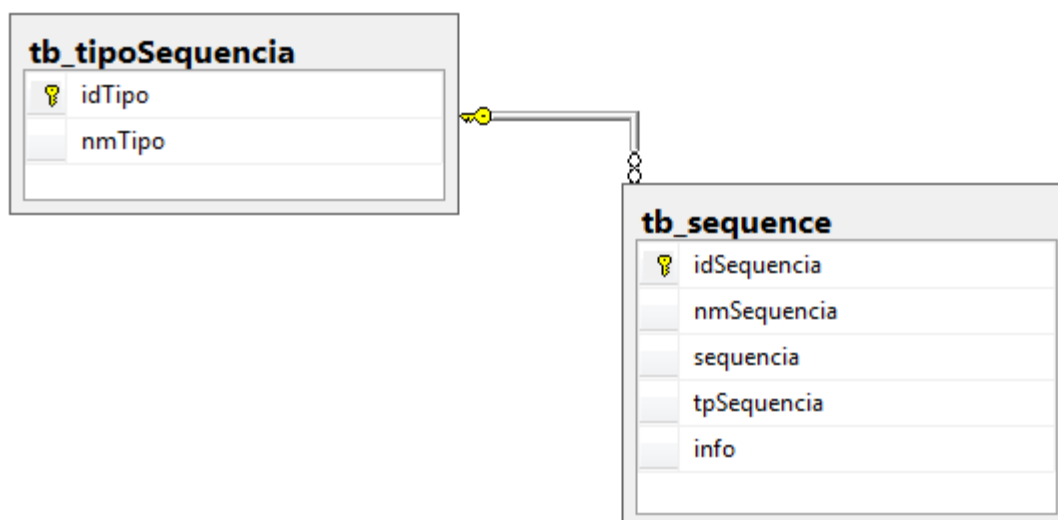


Figura 91 Diagrama de Banco de Dados – Manter Sequência. Fonte: O Autor (2013)

UC004 – Importar Sequência

Controle do Documento

Versão	Autor	Data	Descrição
1.0	Aline Alves	05/01/2013	Elaboração
1.1	Aline Alves	05/12/2013	Alteração

Descrição

Este caso de uso serve para pesquisar, importar sequências genéticas.

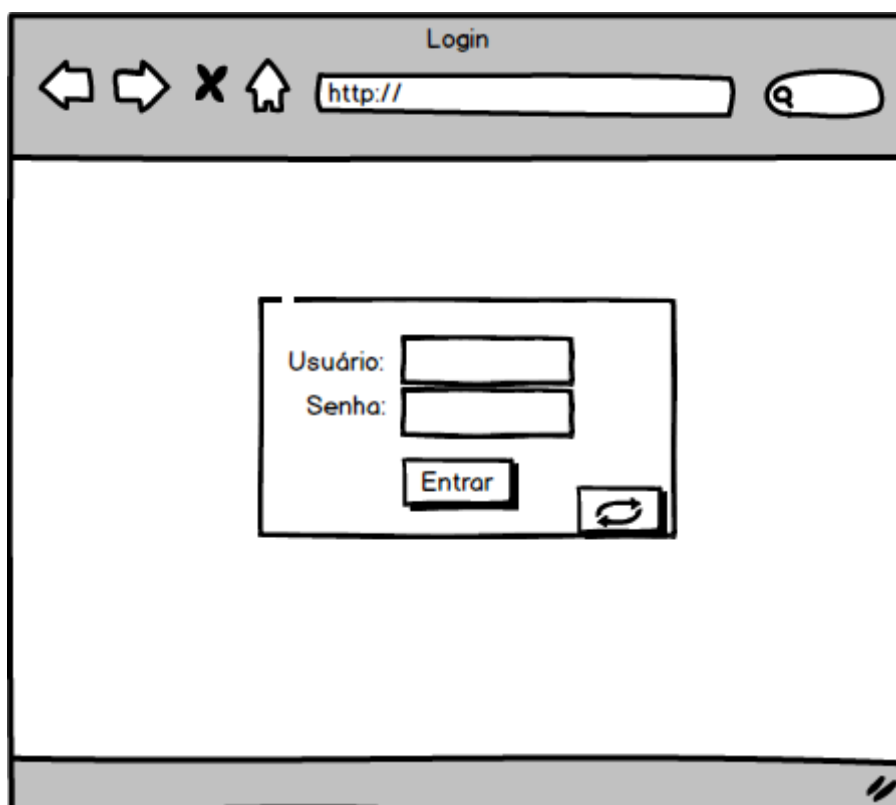
Data Views**DV1 - Tela Login**

Figura 92 Tela Login – Importar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

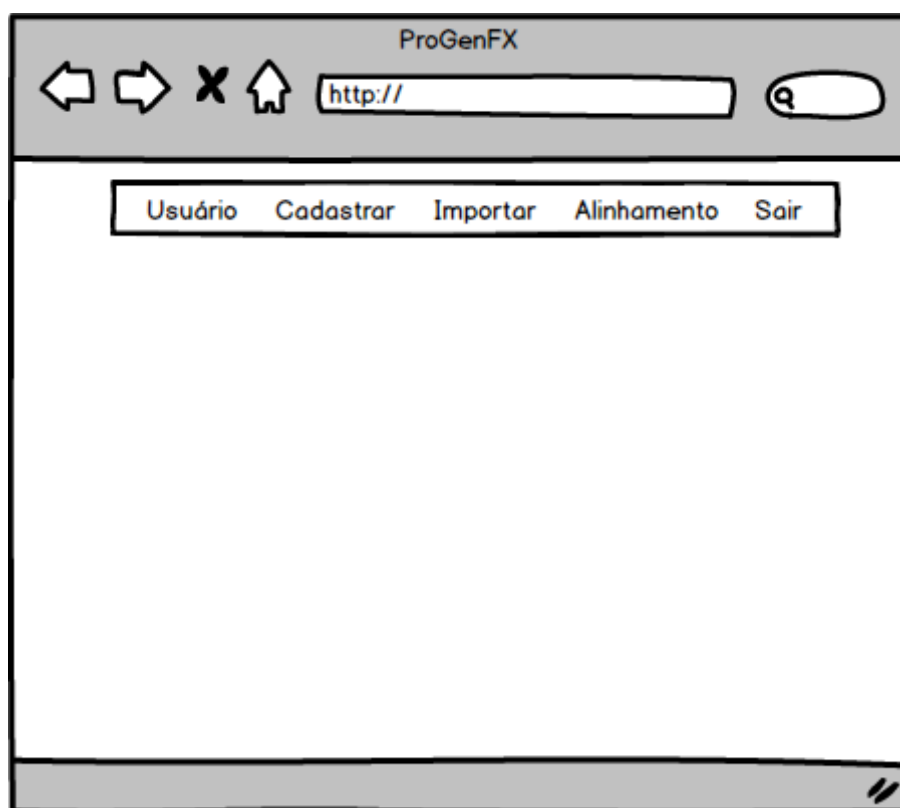
DV2 - Tela principal

Figura 93 Tela Principal – Importar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

DV3 - Tela principal: Importar Sequência

Cadastrar Sequencia

Novo Salvar

Importar

Procurar

Nome

Molécula

DNA

Sequencia

Informações

Figura 94 Tela principal: Importar Sequência – Importar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

Pré-condições

Este caso de uso pode iniciar somente se:

6. O sistema tiver executado o UC001 – Login;
7. Usuário possuir permissão importar sequência genéticas.

Pós-condições

Após o fim normal deste caso de uso o sistema deve:

4. Ter realizado a importação de uma sequência genética.

Ator Primário

Usuário

Fluxo de Eventos Principal

23. O sistema apresenta a tela (DV3);
24. O usuário clica no botão “Procurar”;
25. O usuário seleciona um arquivo valido do tipo “fasta” (E2)(R1)
26. O usuário clica no botão “Importar”;
27. O sistema preenche o campo nome;
28. O usuário preenche o campo Sequência;
29. O usuário informa o tipo de Molécula(A1)
30. O usuário clicar no botão Salvar (A2)(E1)(E3)(E4);
31. O caso de uso é finalizado.

Fluxos Alternativos

A1: Selecionar um tipo de Sequência.

7. O sistema carrega os tipos de Moléculas (DNA e RNA);
8. O usuário seleciona um dos dois tipos;

A2: Botão “Novo” pressionado.

3. O sistema limpa a tela de cadastro de Sequência genética.
4. O caso de uso é finalizado.

Fluxos de Exceção

E1. Campos obrigatórios não preenchidos:

7. O sistema retorna a mensagem “Existem campos obrigatórios que deverão ser preenchidos. Por favor, preencha os campos que estão em destaque”.
8. O Use Case é reiniciado.

E2. Selecionar arquivo fasta inválido.

1. O sistema valida o arquivo “fasta”
2. O sistema exibe a mensagem:” Favor escolher um arquivo valido”.
3. O caso de uso é finalizado.

E3. Sequência já cadastrada.

4. O sistema verifica que a Sequência já está cadastrada.
5. O sistema emite a mensagem “Sequência já cadastrada”;
6. Retorna ao fluxo principal.

E4. Validar Polinucleotídeo.

4. O sistema valida se a sequência informada é válida.
5. O sistema emite a mensagem “Erro ao validar Nucleotídeo”;
6. Retorna ao fluxo principal.

Regras de Negócio

R1. O campo “Moléculas” deve ser preenchido com os dados do Banco de Dados.

R2. Não é possível cadastrar duas ou mais sequências com a mesma notação de sequência

R3. Não é possível cadastrar duas ou mais sequências com o mesmo nome.

R4. O campo “Informações” não é obrigatório.

R5. Para sequências do tipo de molécula: DNA, somente é permitido cadastrar caracteres igual a: “A, T, C, G”

R6. Para sequências do tipo de molécula: DNA, somente é permitido cadastrar caracteres igual a: “A, T, C, G”

R7. O arquivo fasta deve possuir o seguinte formato:

Dados	Posição
Início	Deve iniciar na linha 1 da coluna 1 com o caractere ">"
Nome	Deve iniciar na linha 1 da coluna 2 e finalizar até o primeiro espaço em branco da linha
Informações	Deve iniciar na linha 1, logo após o primeiro espaço, essa informação é opcional
Sequencia	Deve iniciar na linha 2 da coluna 1 e finalizar até o primeiro espaço em branco da linha

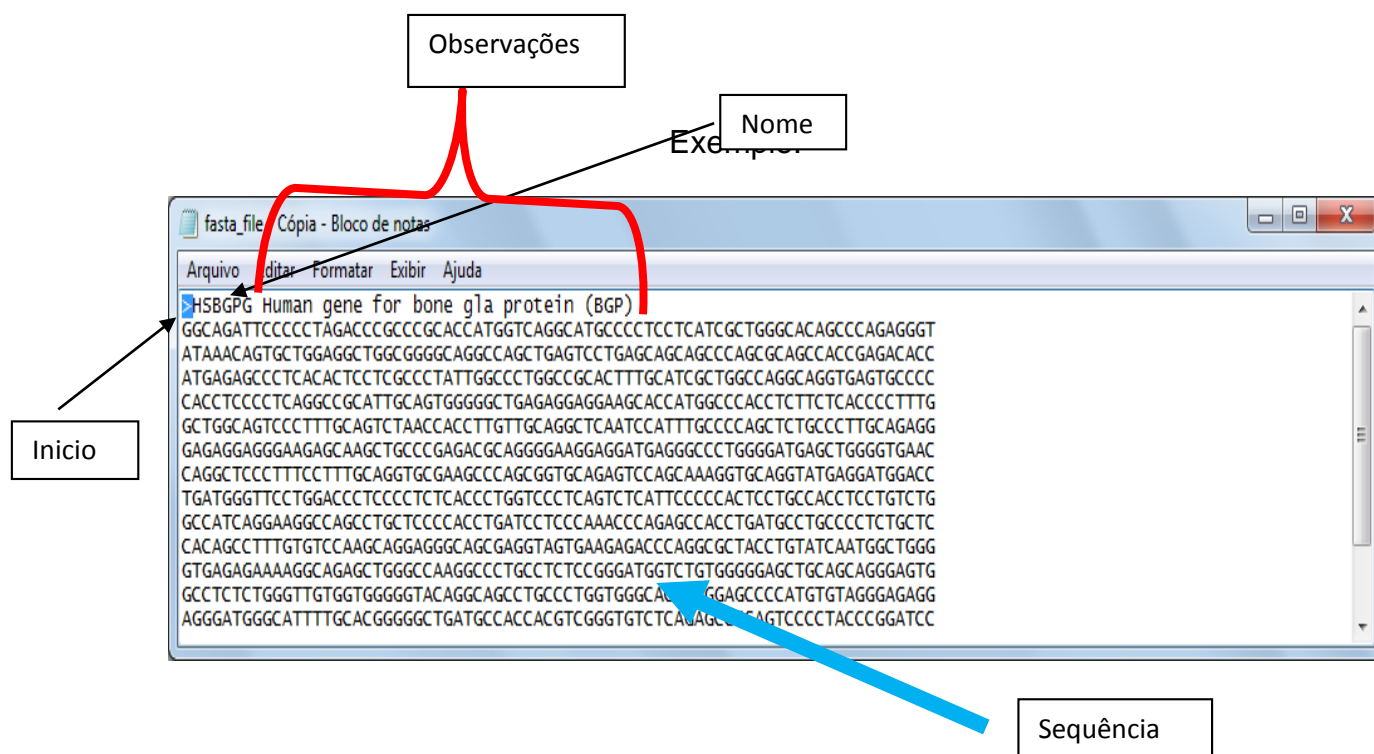


Figura 95 Detalhes Arquivo FASTA – Importar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

Diagrama de Caso de Uso Negocial (Iteração 1)

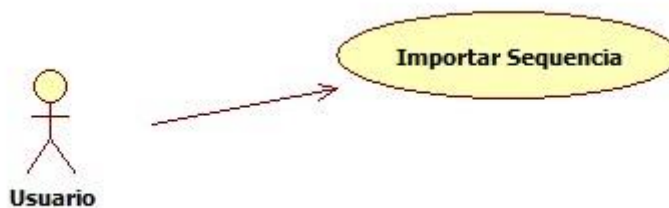


Figura 96 Diagrama de Caso de Uso Negocial – Importar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

Diagrama de Sequência

Fluxo Principal:

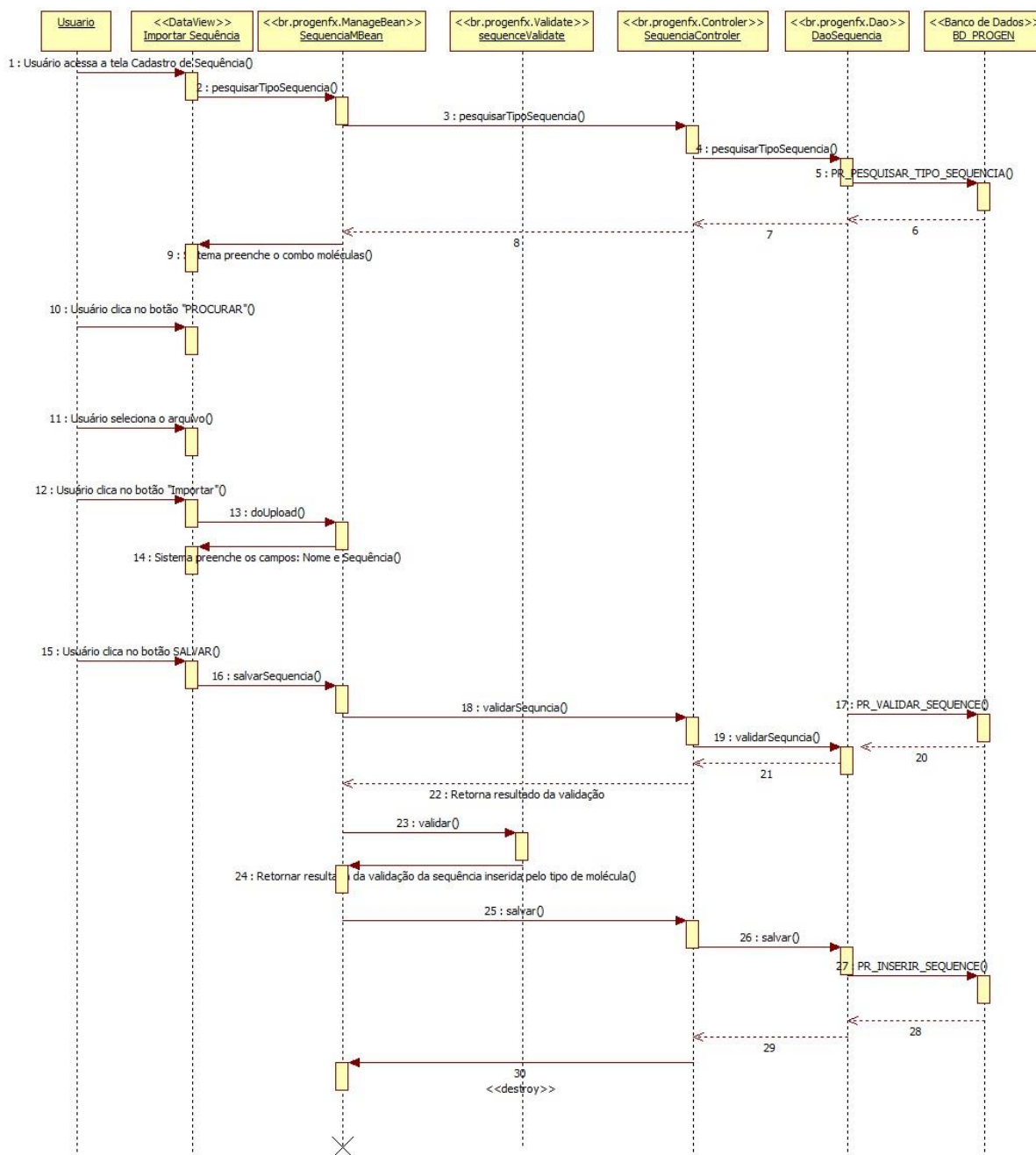


Figura 97 Diagrama de Sequência: Fluxo Principal – Importar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

A1

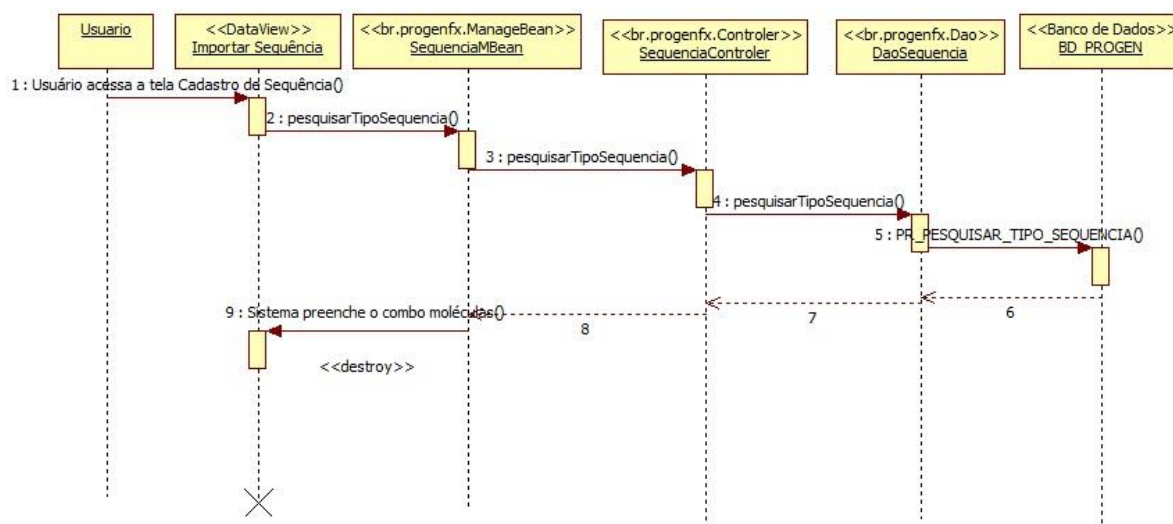


Figura 98 Diagrama de Sequência: Fluxo Alternativo – A1 – Importar Sequência.

Fonte: O Autor (2013)

A2

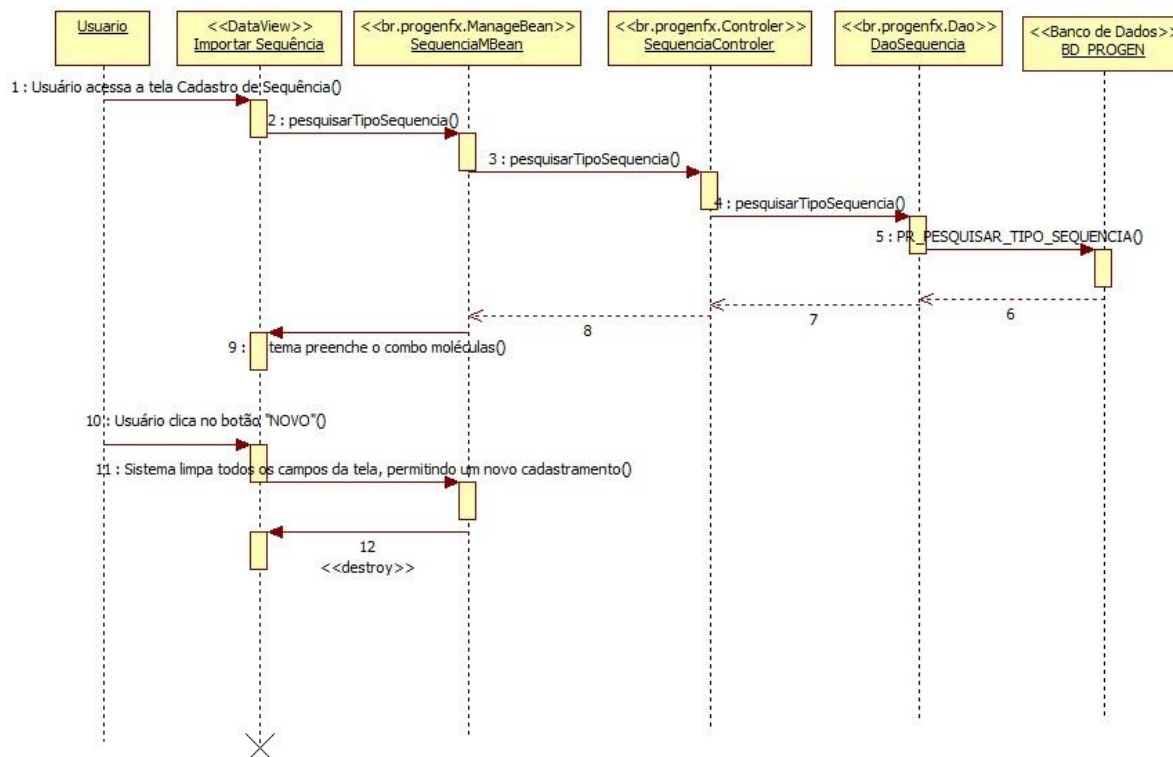


Figura 99 Diagrama de Sequência: Fluxo Alternativo – A2 – Importar Sequência.

Fonte: O Autor (2013)

Diagrama de Classe

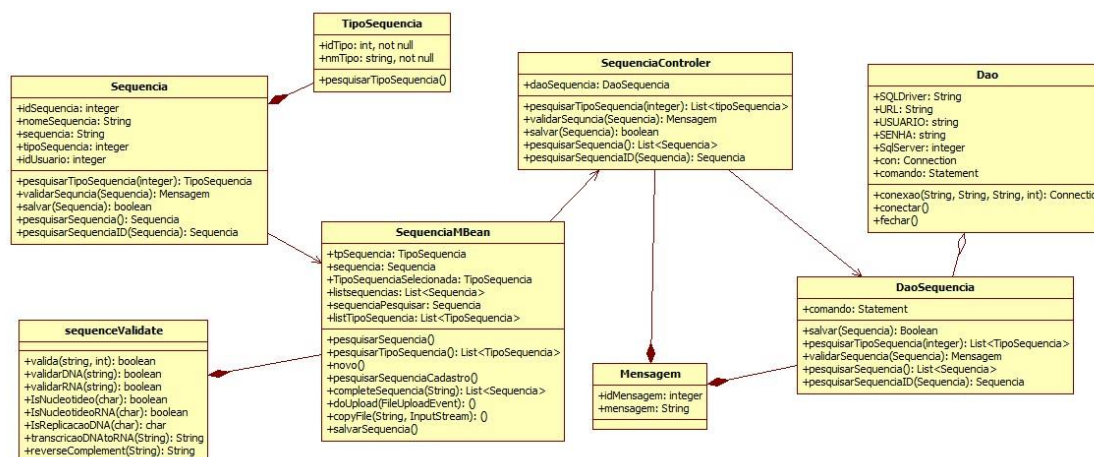


Figura 100 Diagrama de Classe – Importar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

Diagrama de Banco de dados

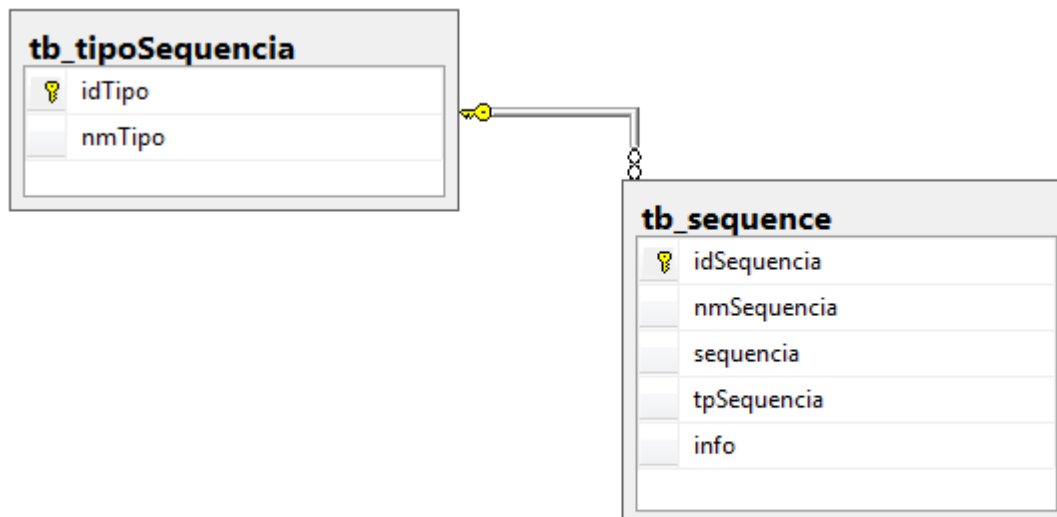


Figura 101 Diagrama de Banco de Dados – Importar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

UC005 – Alinhar Sequência

Controle do Documento

Versão	Autor	Data	Descrição
1.0	Aline Alves	05/01/2013	Elaboração
1.1	Aline Alves	05/12/2013	Alteração

Descrição

Este caso de uso serve para pesquisar, alinhar sequências genéticas.

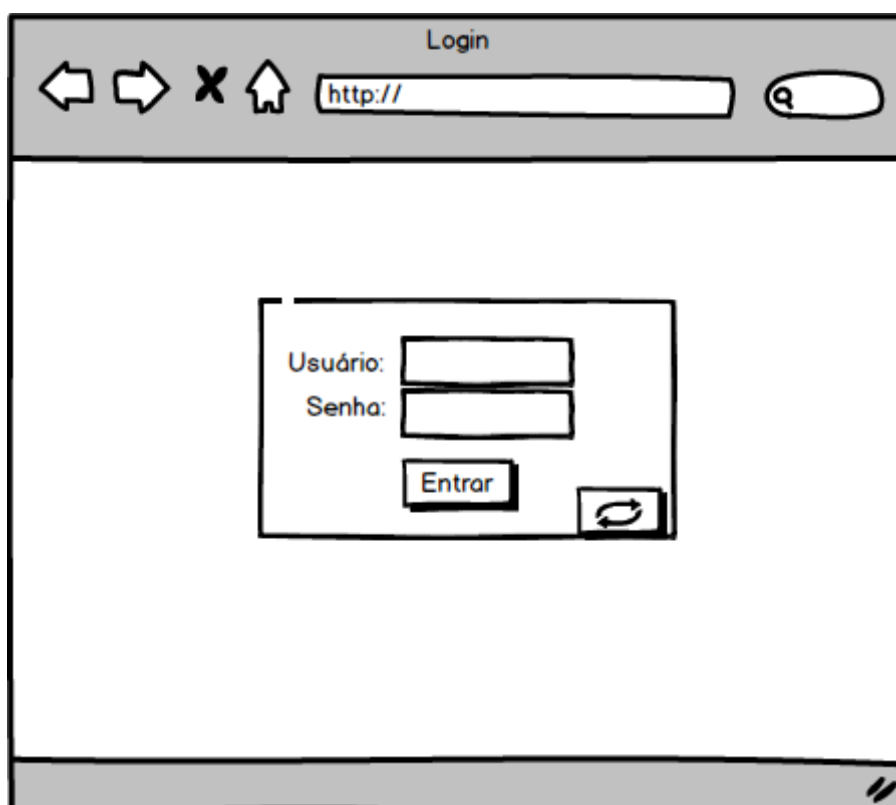
Data Views**DV1 - Tela Login**

Figura 102 Tela Login. Fonte – Alinhar Sequência: O Autor (2013)

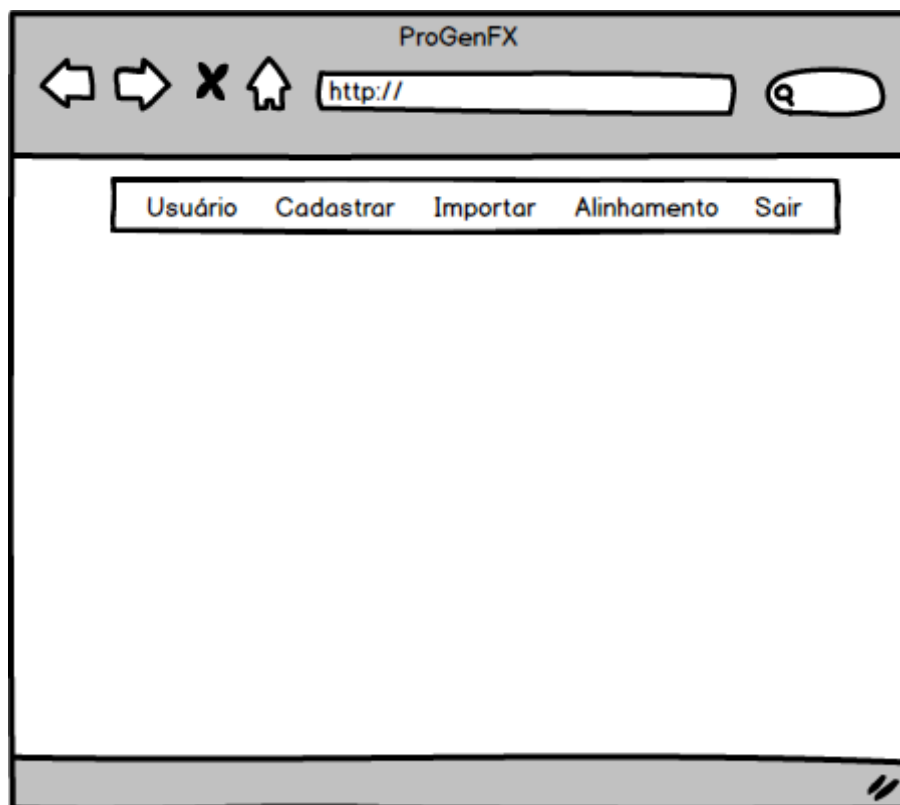
DV2 - Tela principal

Figura 103 Tela Login – Alinhar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

DV3 - Tela principal: Alinhar Sequência

The wireframe illustrates the 'Alinhar Sequencia' application interface. At the top, a title bar contains the text 'Alinhar Sequencia' and navigation icons (back, forward, close, and home). Below this is a search bar with the placeholder 'http://' and a magnifying glass icon. A menu bar features four buttons: 'Novo' (highlighted in blue), 'Alinhar', 'Replicar', and 'Transcrição'. The main content area is divided into two identical sections. Each section has a 'Nome' label above a text input field, followed by a magnifying glass icon, and two smaller input fields labeled 'Molécula' and 'Tamanho'. Below these inputs is a large rectangular area labeled 'Sequencia' (for the first section) and 'Alinhamento' (for the second section). To the right of each large area is a smaller box labeled 'Informações'. At the bottom of the interface, there are two horizontal buttons labeled 'Replicação' and 'Transcrição'. A small double-slash icon is located in the bottom right corner of the window.

Figura 104 Tela principal: Alinhar Sequência – Alinhar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

DV3 - Alinhamento

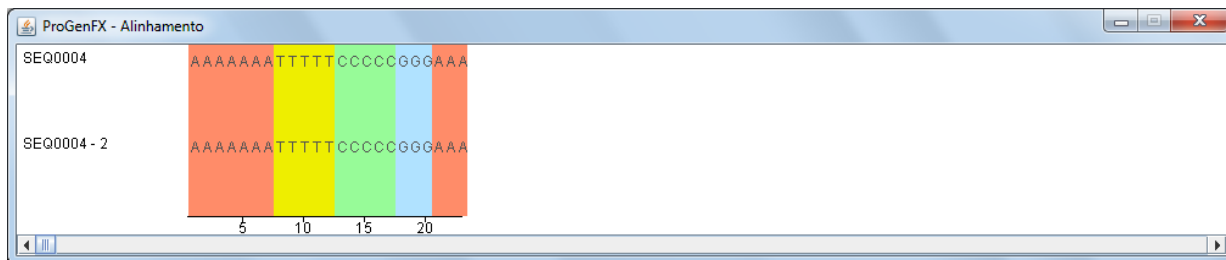


Figura 105 Tela Alinhamento – Alinhar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

Pré-condições

Este caso de uso pode iniciar somente se:

8. O sistema tiver executado o UC001 – Login;
9. Usuário possuir permissão Alinhar sequência genéticas.

Pós-condições

Após o fim normal deste caso de uso o sistema deve:

5. Ter realizado o alinhamento entre duas sequência.

Ator Primário

Usuário

Fluxo de Eventos Principal

32. O sistema apresenta a tela (DV3);
33. O usuário informa o nome da sequência;
34. O usuário clica no botão “Pesquisar”(E1);
35. O sistema preenche as informações de Nome, Sequência, Molécula e Tamanho;
36. O usuário seleciona a opção Alinhamento;
37. O usuário preenche o campo Nome da Sequência da opção Alinhamento;
38. O usuário clica no botão “Pesquisar” da opção Alinhamento(E1);
39. O usuário clicar no botão Alinhar (E2)(DV4)(A1)(A2)(A3);
40. O caso de uso é finalizado.

Fluxos Alternativos

A1: Botão “Novo” pressionado.

5. O sistema limpa a tela de Alinhamento de Sequência genética.
6. O caso de uso é finalizado.

A2: Botão “Replicar” pressionado.

1. O sistema executa o caso de uso: UC006_Replicar_Sequencia
2. O caso de uso é finalizado.

A3: Botão “Transcrição” pressionado.

1. O sistema executa o caso de uso: UC007_Transcricao_Sequencia
2. O caso de uso é finalizado.

Fluxos de Exceção

E1. Campos obrigatórios não preenchidos:

9. O sistema retorna a mensagem “Existem campos obrigatórios que deverão ser preenchidos. Por favor, preencha os campos que estão em destaque”.
10. O Use Case é reiniciado.

E2. Alinhar tipos de moléculas diferentes.

4. O sistema valida se o tipo de molécula a ser alinhada é igual ao tipo selecionado;
5. O sistema exibe a mensagem:” O Alinhamento não pode ser realizado entre um DNA e RNA”.
6. O caso de uso é finalizado.

Regras de Negócio

R1. O campo “Tamanho” deve ser preenchido com o total de caractere da sequência.

Exemplo:

Sequencia: AAATTCCGG

Quantidade de caractere:9

1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9

A A A T T C C G G

R2. Para o alinhamento utilizar o método SimpleAlignment do framework biojava.

Diagrama de Caso de Uso Negocial (Iteração 1)

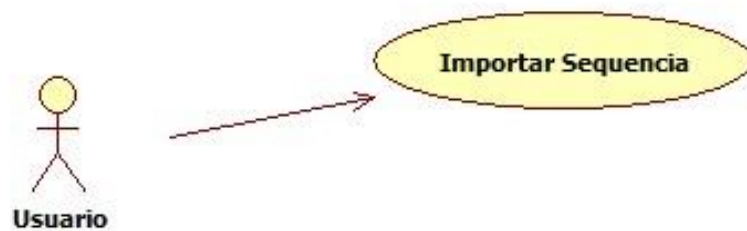


Figura 106 Diagrama de Caso de Uso Negocial – Alinhar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

Diagrama de Sequência

Fluxo Principal:

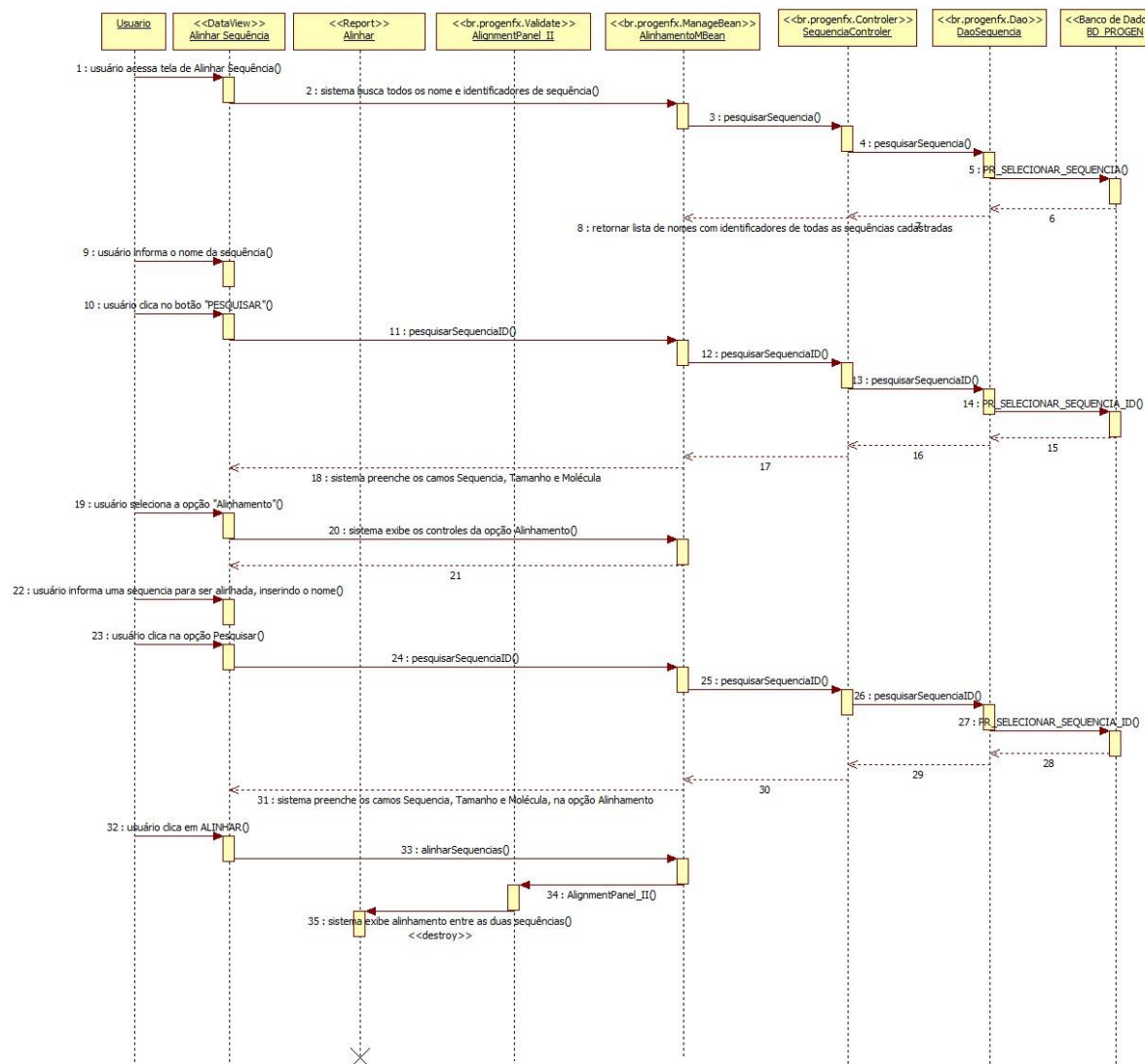


Figura 107 Diagrama de Sequência. Fluxo Principal – Alinhar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

A1

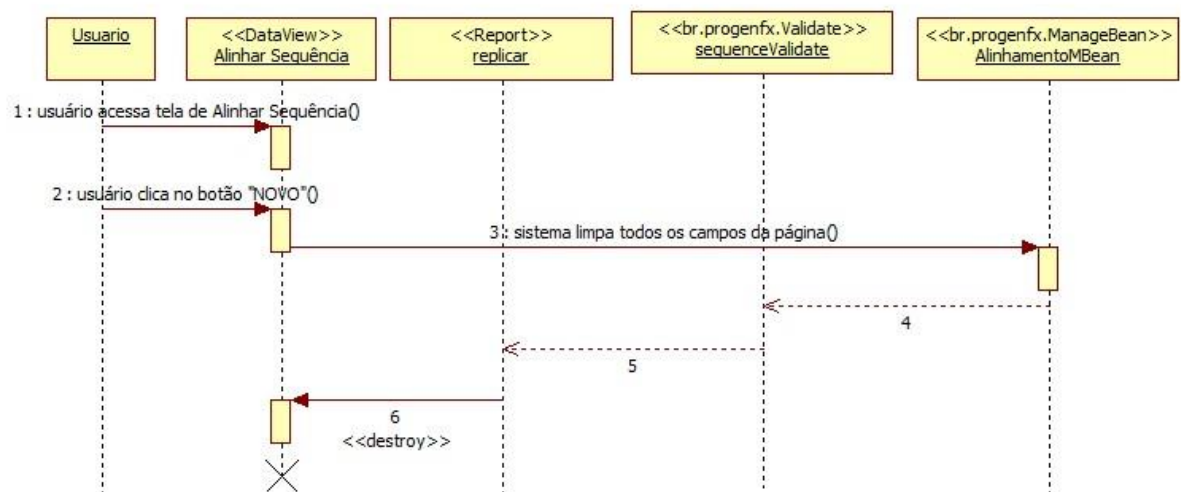


Figura 108 Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo – A1 – Alinhar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

A2

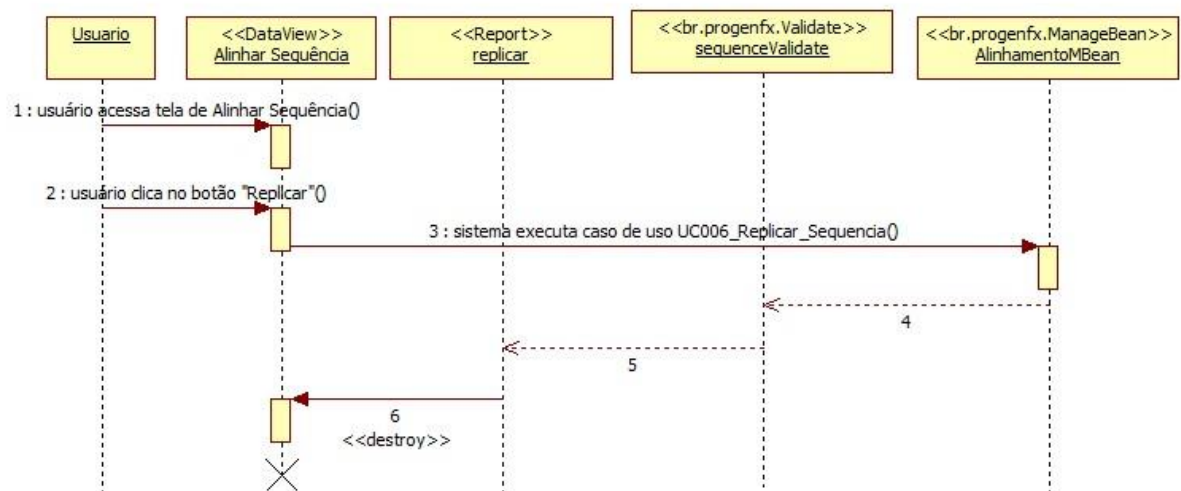


Figura 109 Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo – A2 – Alinhar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

A3

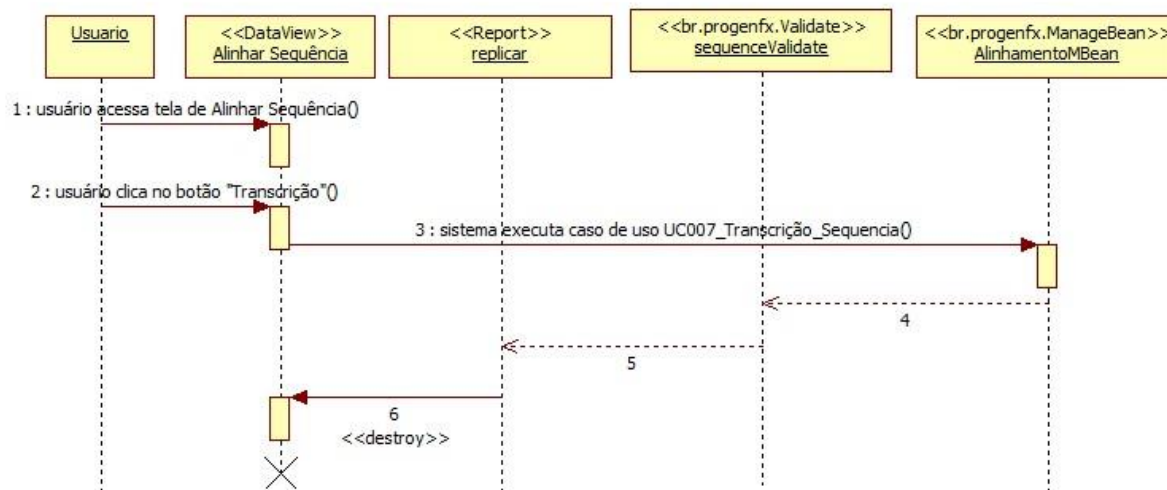


Figura 110 Diagrama de Sequência. Fluxo Alternativo – A3 – Alinhar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

Diagrama de Classe

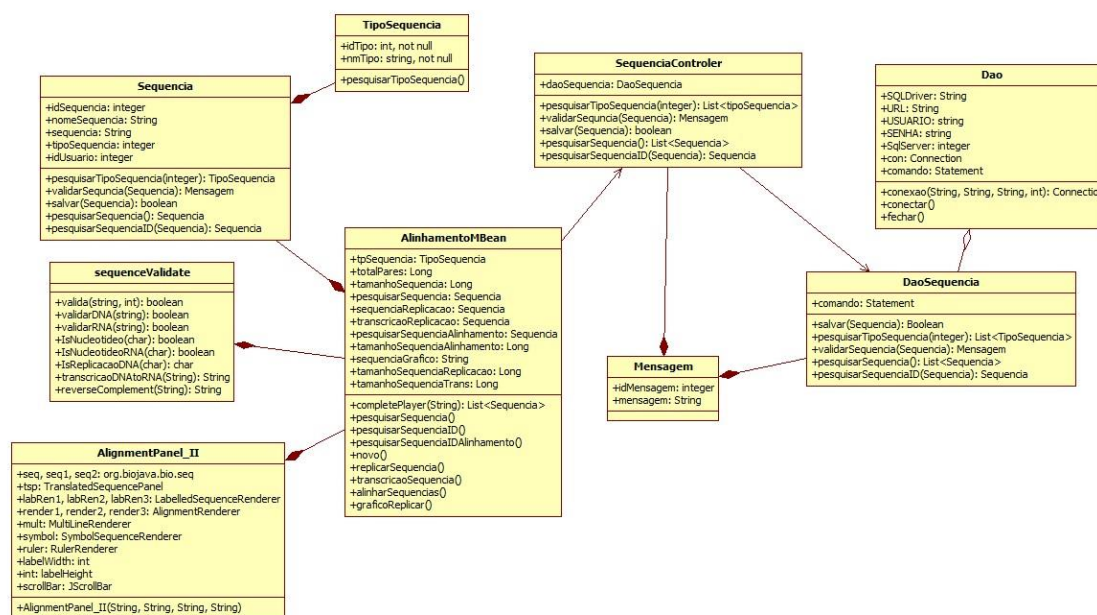


Figura 111 Diagrama de Classe – Alinhar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

Diagrama de Banco de dados

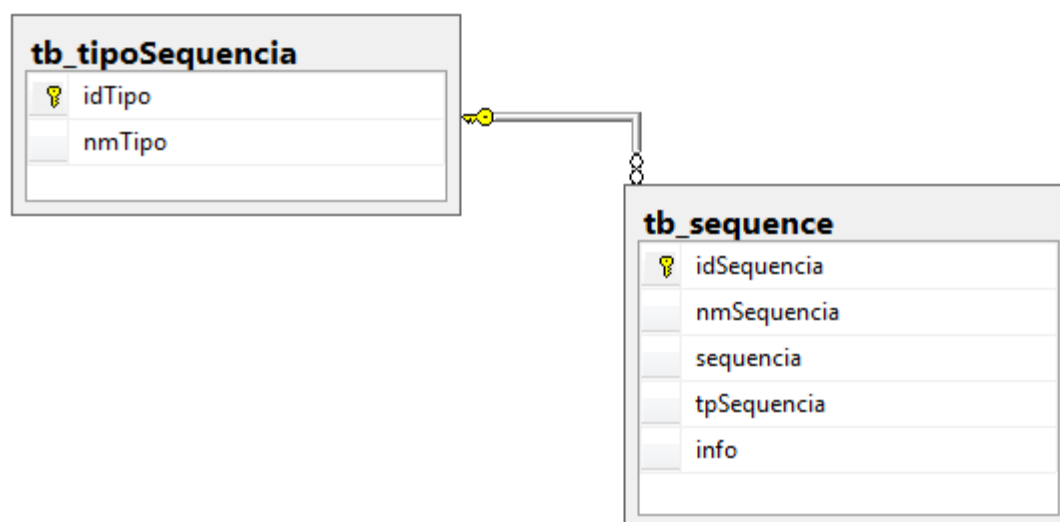


Figura 112 Diagrama de Banco de Dados – Alinhar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

UC006 – Replicar Sequência

Controle do Documento

Versão	Autor	Data	Descrição
1.0	Aline Alves	05/01/2013	Elaboração
1.1	Aline Alves	05/12/2013	Alteração

Descrição

Este caso de uso serve para pesquisar, replicar sequências genéticas.

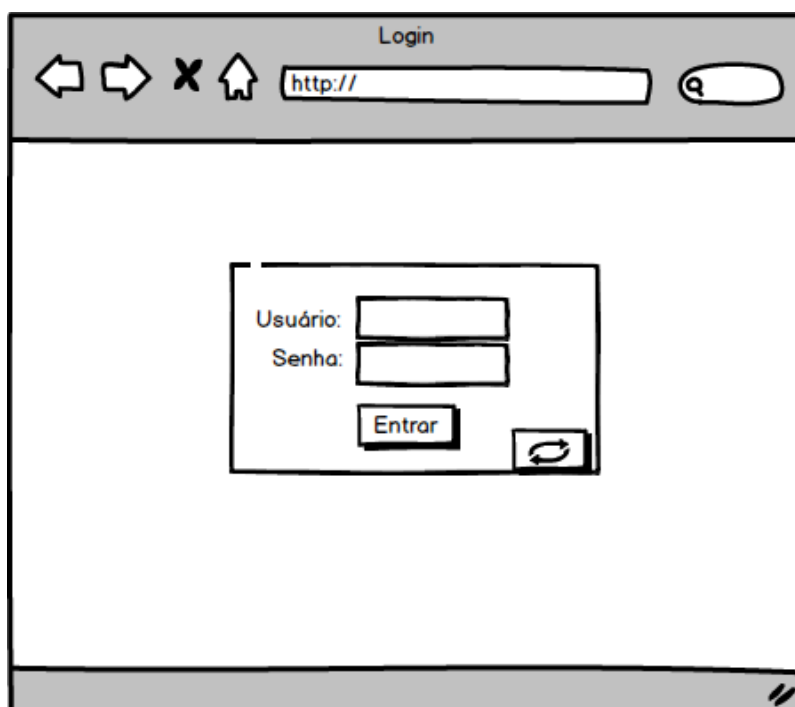
Data Views**DV1 - Tela Login**

Figura 113 Tela Login – Replicar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

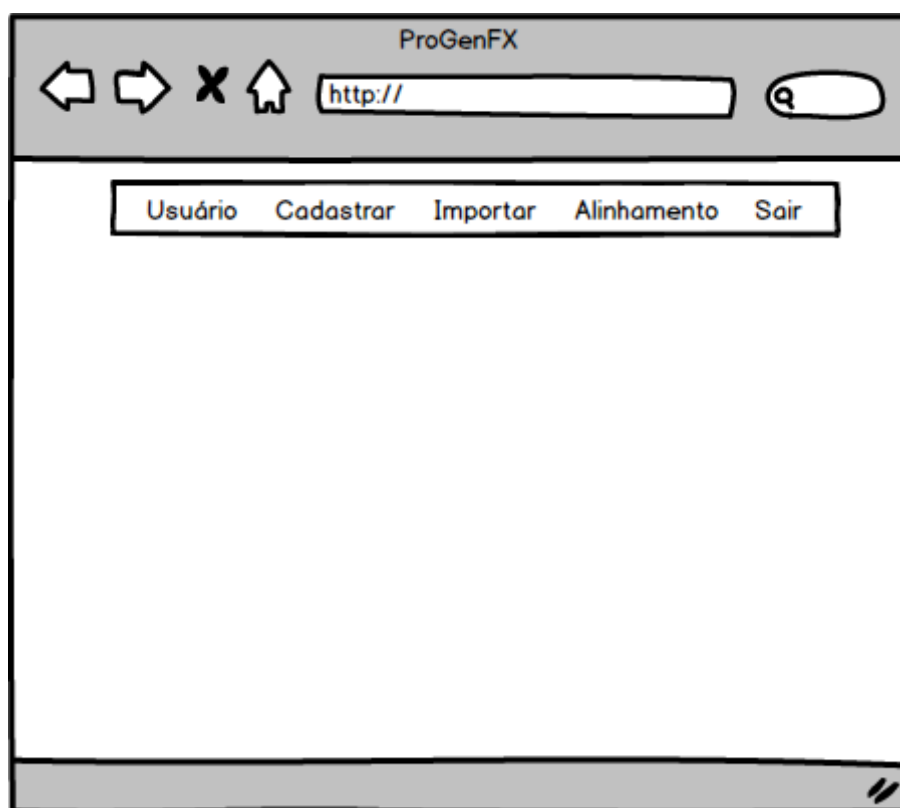
DV2 - Tela principal

Figura 114 Tela Principal – Replicar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

DV3 - Tela principal: Replicar Sequência

Alinhar Sequencia

← → ✕ 🏠 🔍

Novo Alinhar Replicar Transcrição

Nome 🔍 Molécula Tamanho

Sequencia

Informações

Alinhamento

Replicação

Nome Molécula Tamanho

Transcrição

Figura 115 Tela principal: Replicar Sequência – Replicar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

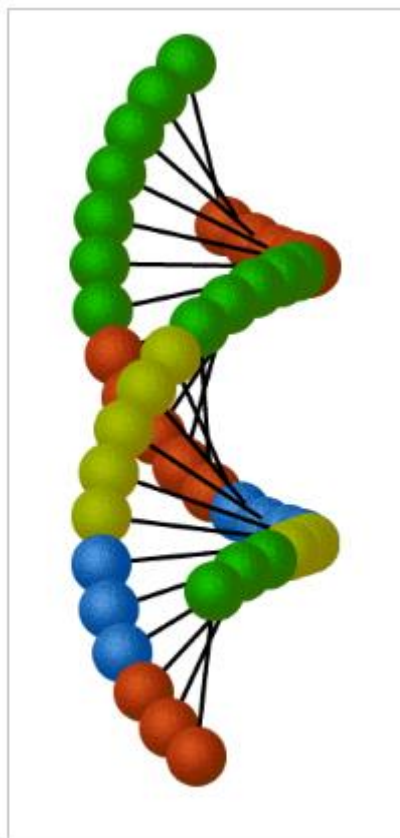
DV3 – Gráfico – Replicar Sequência

Figura 116 Gráfico – Replicar Sequência – Replicar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

Pré-condições

Este caso de uso pode iniciar somente se:

- 10. O sistema tiver executado o UC001 – Login;**
- 11. Usuário possuir permissão Replicar sequência genéticas.**

Pós-condições

Após o fim normal deste caso de uso o sistema deve:

- 6. Ter realizado a replicação entre as bases de uma sequência genética.**

Ator Primário

Usuário

Fluxo de Eventos Principal

41. O sistema apresenta a tela (DV3);
42. O usuário informa o nome da sequência;
43. O usuário clica no botão “Pesquisar”(E1);
44. O sistema preenche as informações de Nome, Sequência, Molécula e Tamanho;
45. O usuário seleciona a opção Replicação;
46. O usuário clica no botão “Replicar”(E1);
47. O sistema preenche o campo Nome da Sequência da opção Replicação(R2);
48. O sistema preenche o campo Sequência da opção “Replicação”;
49. O sistema preenche o campo Molécula da opção “Replicação”;
50. O sistema preenche o campo Tamanho da opção “Replicação”;
51. O usuário clica no botão “Gerar Gráfico” (E2)(DV4)(A1)(A2)(A3)(R3);
52. O caso de uso é finalizado.

Fluxos Alternativos

A1: Botão “Novo” pressionado.

7. O sistema limpa a tela de Alinhamento de Sequência genética.
8. O caso de uso é finalizado.

A2: Botão “Alinhamento” pressionado.

3. O sistema executa o caso de uso: UC005_Alinhar_Sequencia
4. O caso de uso é finalizado.

A3: Botão “Transcrição” pressionado.

3. O sistema executa o caso de uso: UC007_Transcricao_Sequencia
4. O caso de uso é finalizado.

Fluxos de Exceção

E1. Campos obrigatórios não preenchidos:

11. O sistema retorna a mensagem “Existem campos obrigatórios que deverão ser preenchidos. Por favor, preencha os campos que estão em destaque”.
12. O Use Case é reiniciado.

E2. Replicar tipos de moléculas diferentes.

7. O sistema valida se o tipo de molécula a ser alinhada é igual ao tipo selecionado;
8. O sistema exibe a mensagem:” A replicação não pode ser realizado entre um DNA e RNA”.
9. O caso de uso é finalizado.

Regras de Negócio

R1. O campo “Tamanho” deve ser preenchido com o total de caractere da sequência.

Exemplo:

Sequencia: AAATTCCGG

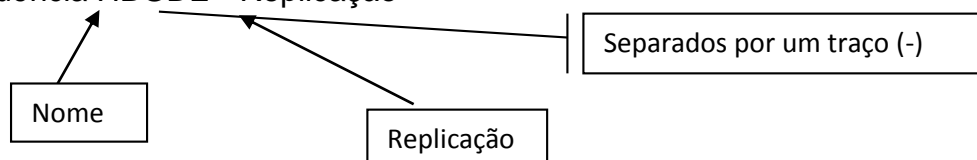
Quantidade de caractere:9

1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9

A A A T T C C G G

R2. O nome sequência da opção “Replicação” deve ser preenchido com o nome da sequência pesquisa + a palavra “Replicação”, ou seja:

- Sequência HBGDE - Replicação



R3. Geração do Gráfico

Para a geração do Gráfico 3D deve-se utilizar o elemento Canvas do HTML5.

Onde:

- Circulo da cor Azul representa o nucleotídeo: Citosina;
- Circulo da cor Verde representa o nucleotídeo: Adenina;
- Circulo da cor Vermelho representa o nucleotídeo: Timina;
- Circulo da cor Amarelo representa o nucleotídeo: Guanina;

Diagrama de Caso de Uso Negocial (Iteração 1)

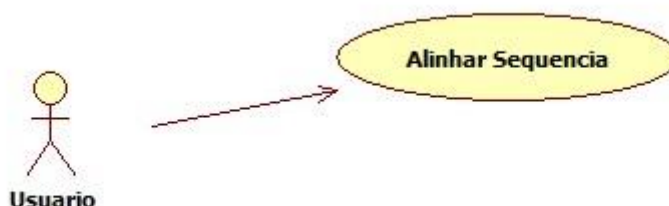


Figura 117 Diagrama de Caso de Uso Negocial – Replicar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

Diagrama de Sequência

Fluxo Principal:

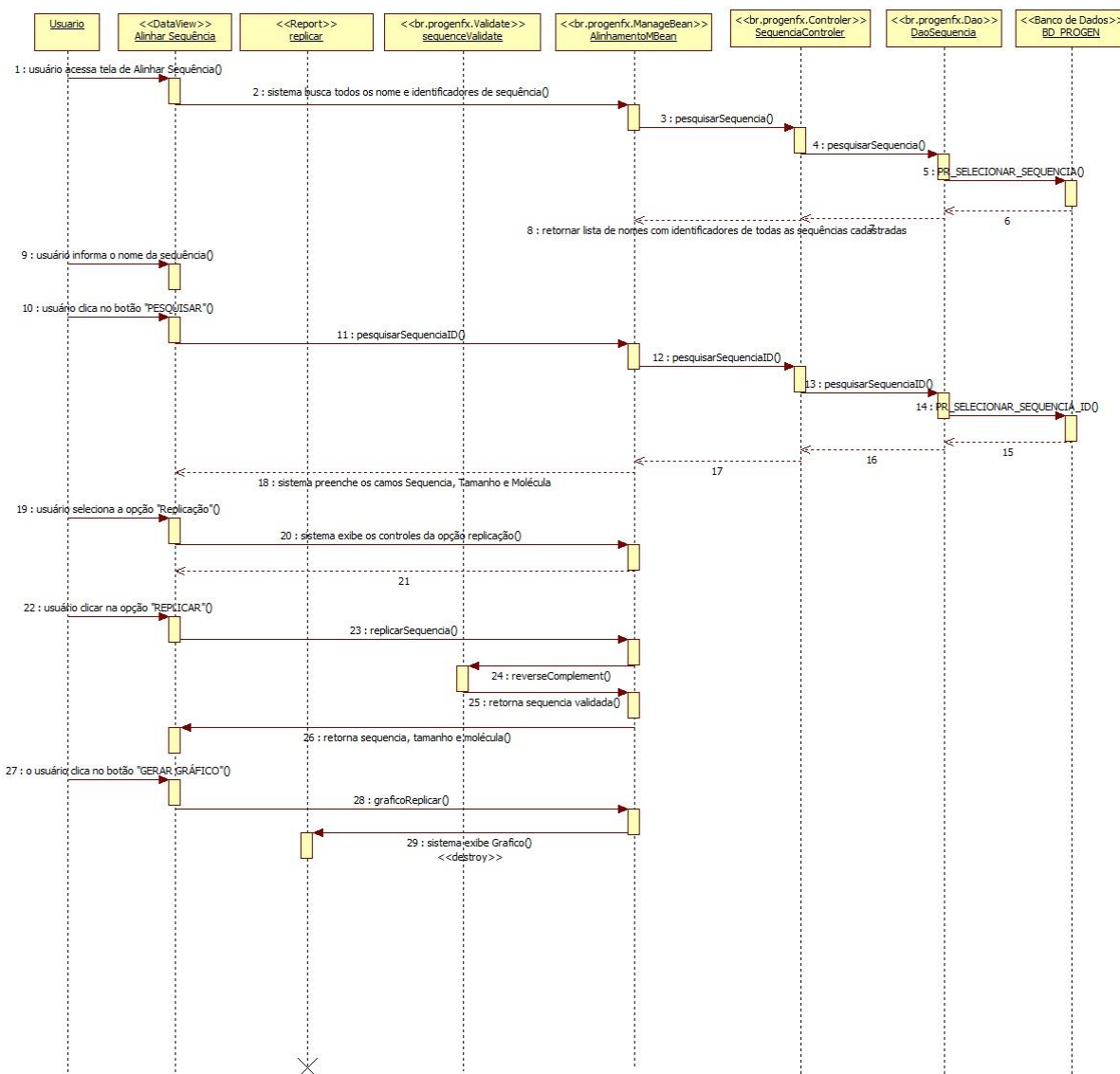


Figura 118 Diagrama de Sequência – Fluxo Principal – Replicar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

A1

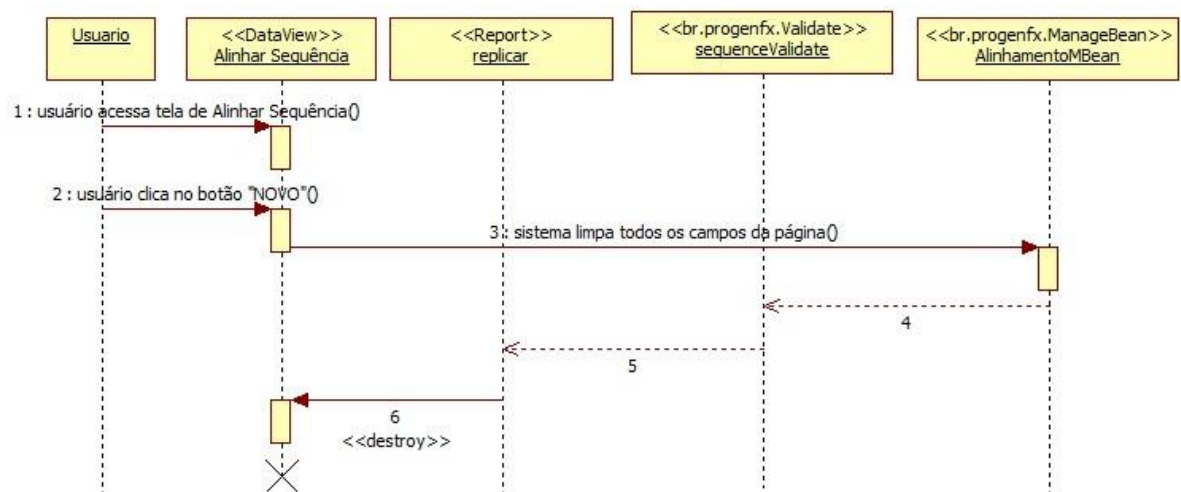


Figura 119 Diagrama de Sequência – Fluxo Alternativo – A1 – Replicar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

A2

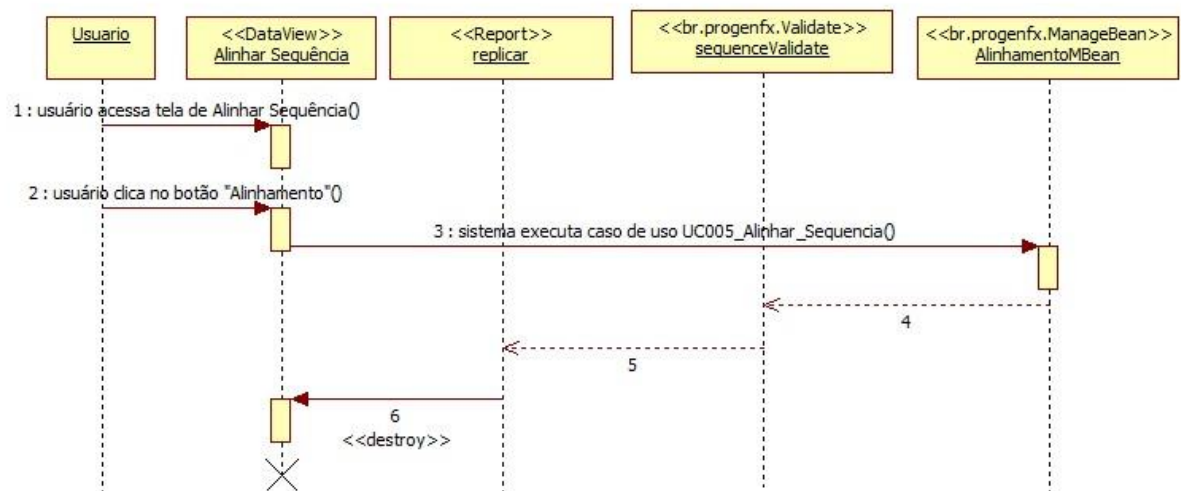


Figura 120 Diagrama de Sequência – Fluxo Alternativo – A2 – Replicar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

A3

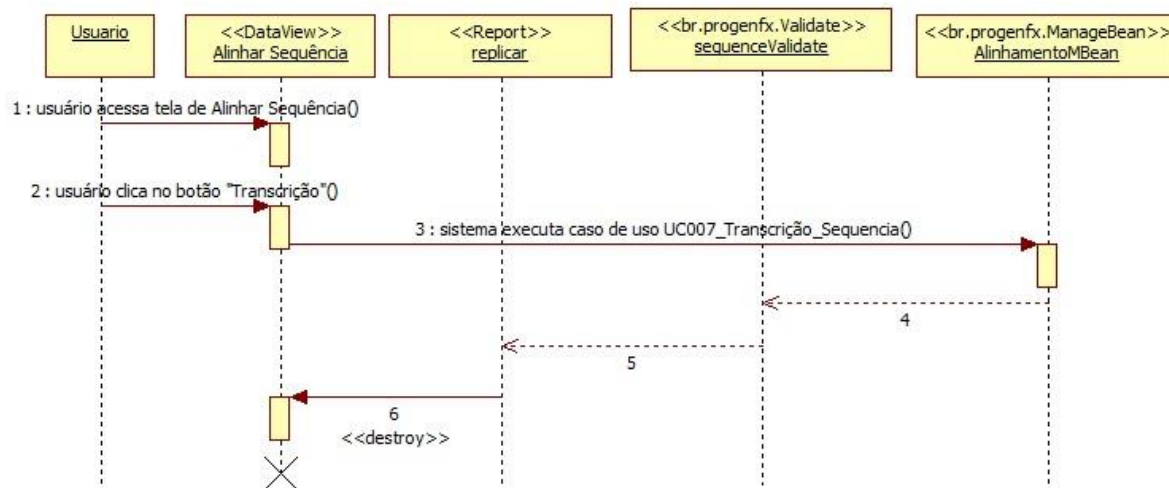


Figura 121 Diagrama de Sequência – Fluxo Alternativo – A3 – Replicar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

Diagrama de Classe

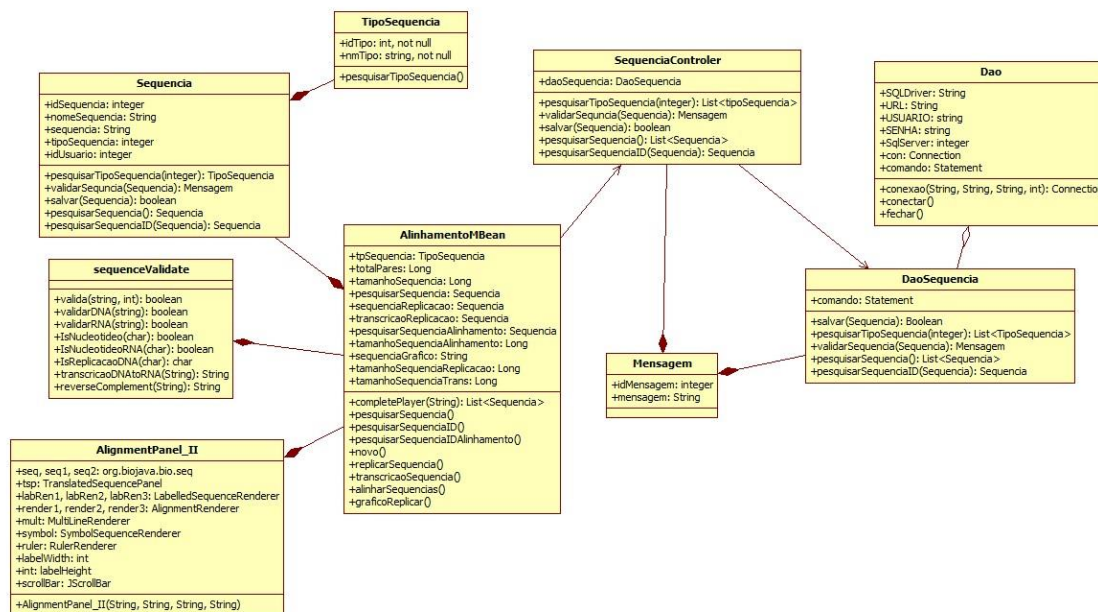


Figura 122 Diagrama de Classe – Replicar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

Diagrama de Banco de dados

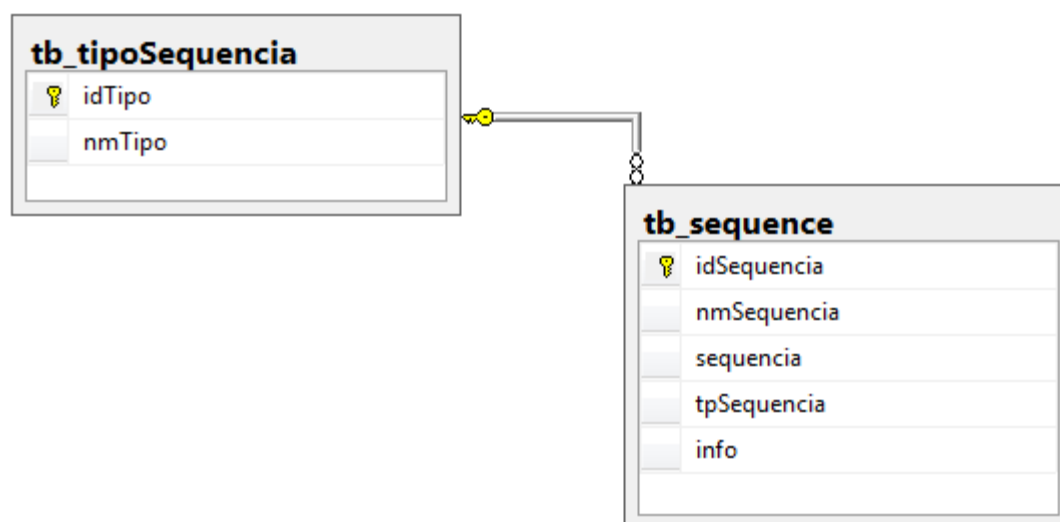


Figura 123 Diagrama de Banco de Dados – Replicar Sequência. Fonte: O Autor (2013)

UC007 – Transcrição de Sequencia

Controle do Documento

Versão	Autor	Data	Descrição
1.0	Aline Alves	05/01/2013	Elaboração
1.1	Aline Alves	05/12/2013	Alteração

Descrição

Este caso de uso serve para pesquisar, transcrever sequências genéticas.

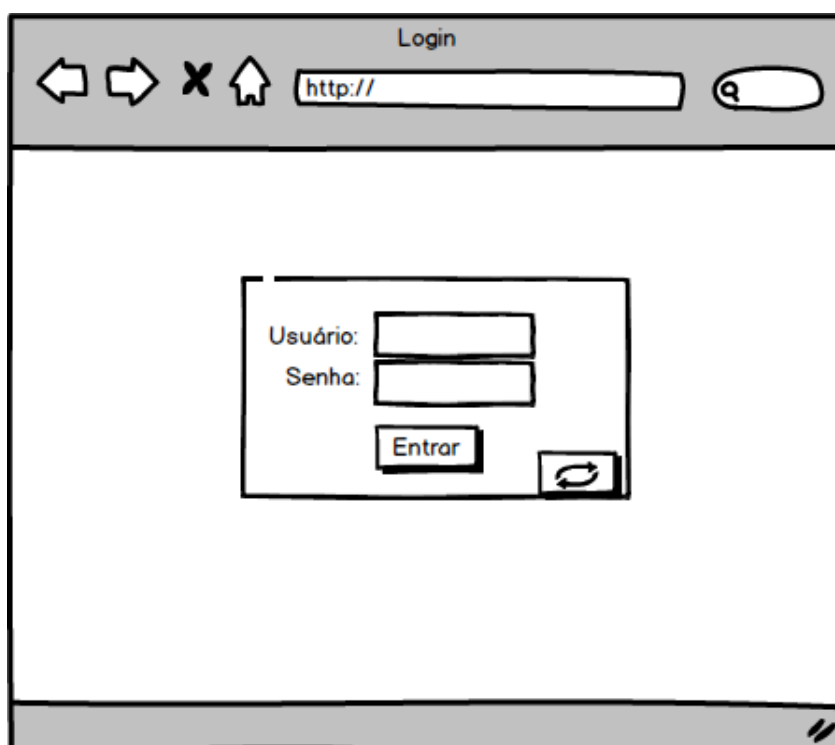
Data Views**DV1 - Tela Login**

Figura 124 Tela Login – Transcrição de Sequência. Fonte: O Autor (2013)

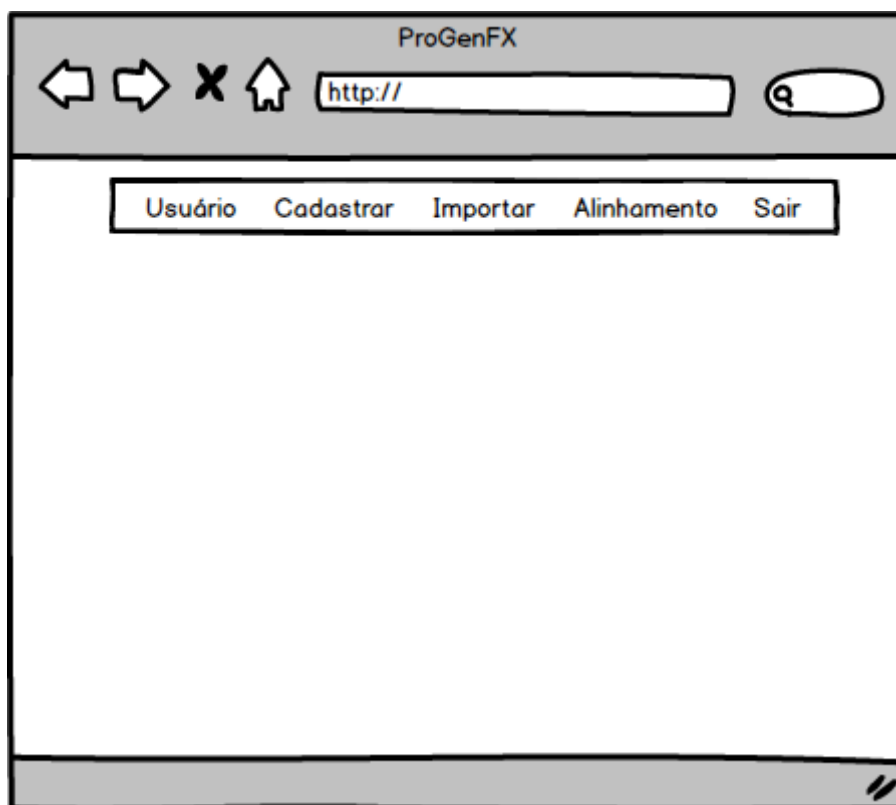
DV2 - Tela principal

Figura 125 Tela Principal – Transcrição de Sequência. Fonte: O Autor (2013)

DV3 - Tela principal: Transcrição de Sequência

The image is a wireframe of a web application window titled "Alinhar Sequencia". The window has a standard browser-like header with navigation icons (back, forward, stop, home) and a search bar containing "http://". Below the header is a tabbed interface with four tabs: "Novo", "Alinhar", "Replicar", and "Transcrição". The "Transcrição" tab is currently selected. The main content area is divided into several sections. At the top, there are labels for "Nome", "Molécula", and "Tamanho", each followed by an input field. A magnifying glass icon is positioned between the "Nome" and "Molécula" fields. Below these is a section labeled "Sequencia" which contains a large text input area and a smaller box labeled "Informações". Underneath the "Sequencia" section are two horizontal buttons labeled "Alinhamento" and "Replicação". At the bottom of the main content area is another section labeled "Transcrição" which also contains labels for "Nome", "Molécula", and "Tamanho" with corresponding input fields, and a large text input area below them. The window has a grey border and a small icon in the bottom right corner.

Figura 126 Tela Principal: Transcrição de Sequência – Transcrição de Sequência. Fonte: O Autor (2013)

Pré-condições

Este caso de uso pode iniciar somente se:

- 12. O sistema tiver executado o UC001 – Login;**
- 13. Usuário possuir permissão Transcrever sequência genéticas.**

Pós-condições

Após o fim normal deste caso de uso o sistema deve:

- 7. Ter realizado a transcrição de DNA em RNA**

Ator Primário

Usuário

Fluxo de Eventos Principal

- 53. O sistema apresenta a tela (DV3);
- 54. O usuário informa o nome da sequência;
- 55. O usuário clica no botão “Pesquisar” (E1);
- 56. O sistema preenche as informações de Nome, Sequência, Molécula e Tamanho(R1);
- 57. O usuário seleciona a opção Transcrição;
- 58. O usuário clica no botão “Transcrição” (E1) (E2);
- 59. O sistema preenche o campo Nome da Sequência da opção Transcrição (R2);
- 60. O sistema preenche o campo Sequência da opção “Transcrição”;
- 61. O sistema preenche o campo Molécula da opção “Transcrição”;
- 62. O sistema preenche o campo Tamanho da opção “Transcrição (R1)”;
- 63. O caso de uso é finalizado.

Fluxos Alternativos

A1: Botão “Novo” pressionado.

- 9. O sistema limpa a tela de Alinhamento de Sequência genética.
- 10. O caso de uso é finalizado.

A2: Botão “Alinhamento” pressionado.

- 5. O sistema executa o caso de uso: UC005_Alinhar_Sequencia
- 6. O caso de uso é finalizado.

A3: Botão “Replicação” pressionado.

- 5. O sistema executa o caso de uso: UC006_Replicar_Sequencia

6. O caso de uso é finalizado.

Fluxos de Exceção

E1. Campos obrigatórios não preenchidos:

13. O sistema retorna a mensagem “Existem campos obrigatórios que deverão ser preenchidos. Por favor, preencha os campos que estão em destaque”.
14. O Use Case é reiniciado.

E2. Transcrever tipos de moléculas DNA.

10. O sistema valida se o tipo de molécula a ser transcrita é igual a DNA;
11. O sistema exibe a mensagem:” A transcrição não pode ser realizado em um RNA
12. O caso de uso é finalizado.

Regras de Negócio

R1. O campo “Tamanho” deve ser preenchido com o total de caractere da sequência.

Exemplo:

Sequencia: AAATTCCGG

Quantidade de caractere:9

1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9

A A A T T C C G G

R2. O nome sequência da opção “Transcrição” deve ser preenchido com o nome da sequência pesquisa + a palavra “Transcrição”, ou seja:

- Sequência HBGDE - Transcrição

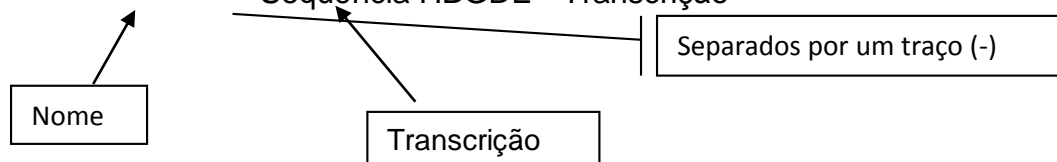


Diagrama de Caso de Uso Negocial (Iteração 1)

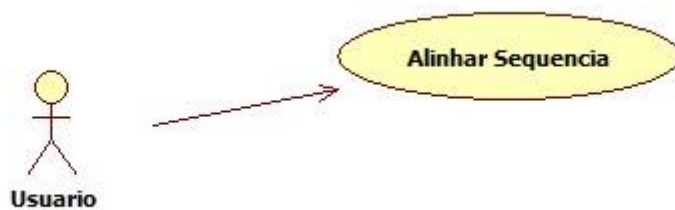


Figura 127 Diagrama de Caso de Uso Negocial – Transcrição de Sequência. Fonte: O Autor (2013)

Diagrama de Sequência

Fluxo Principal:

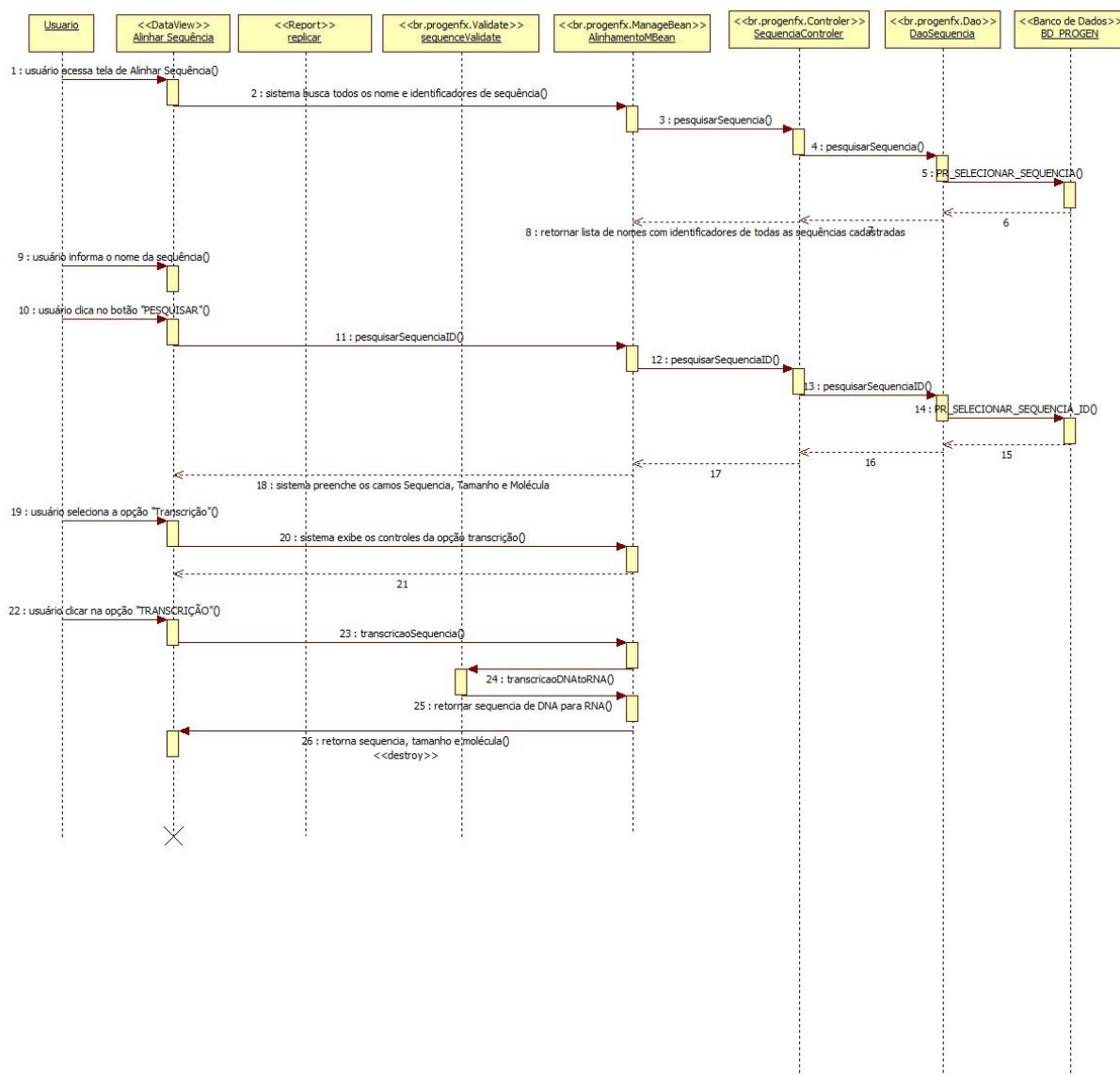


Figura 128 Diagrama de Sequência – Fluxo Principal – Transcrição de Sequência. Fonte: O Autor (2013)

A1

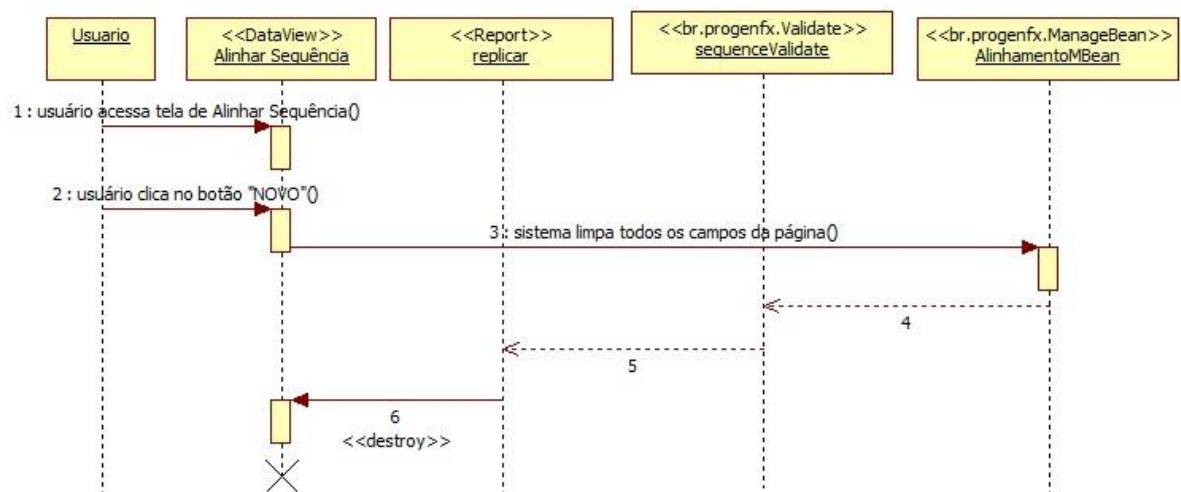


Figura 129 Diagrama de Sequência – Fluxo Alternativo – A1 – Transcrição de Sequência.
Fonte: O Autor (2013)

A2

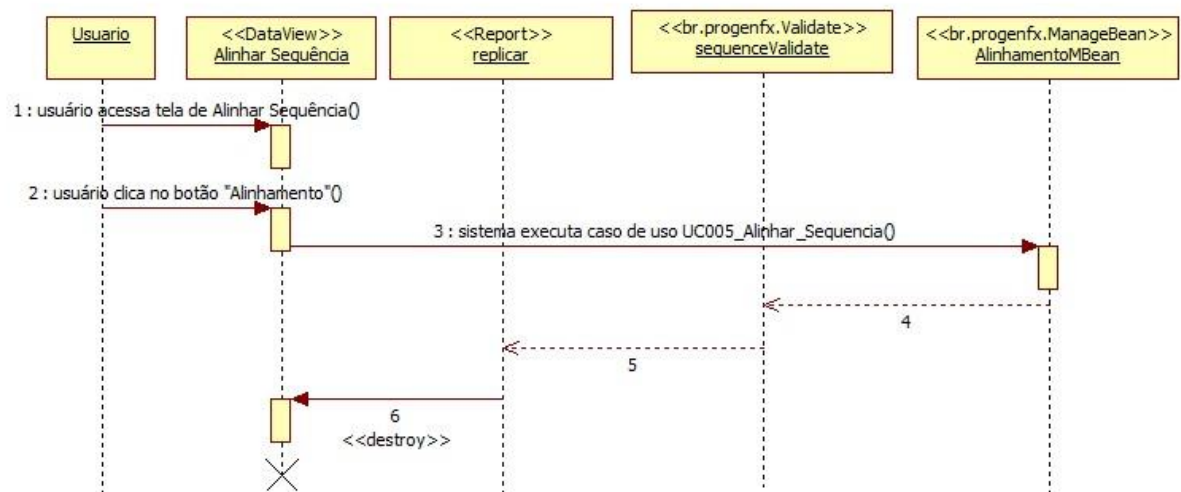


Figura 130 Diagrama de Sequência – Fluxo Alternativo – A2 – Transcrição de Sequência.
Fonte: O Autor (2013)

A3

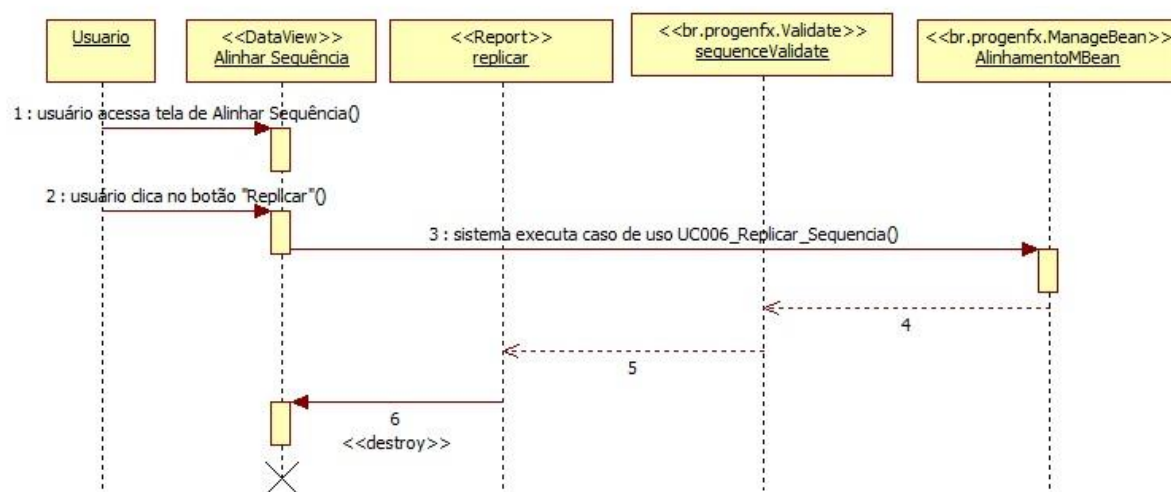


Figura 131 Diagrama de Sequência – Fluxo Alternativo – A3 – Transcrição de Sequência.
Fonte: O Autor (2013)

Diagrama de Classe

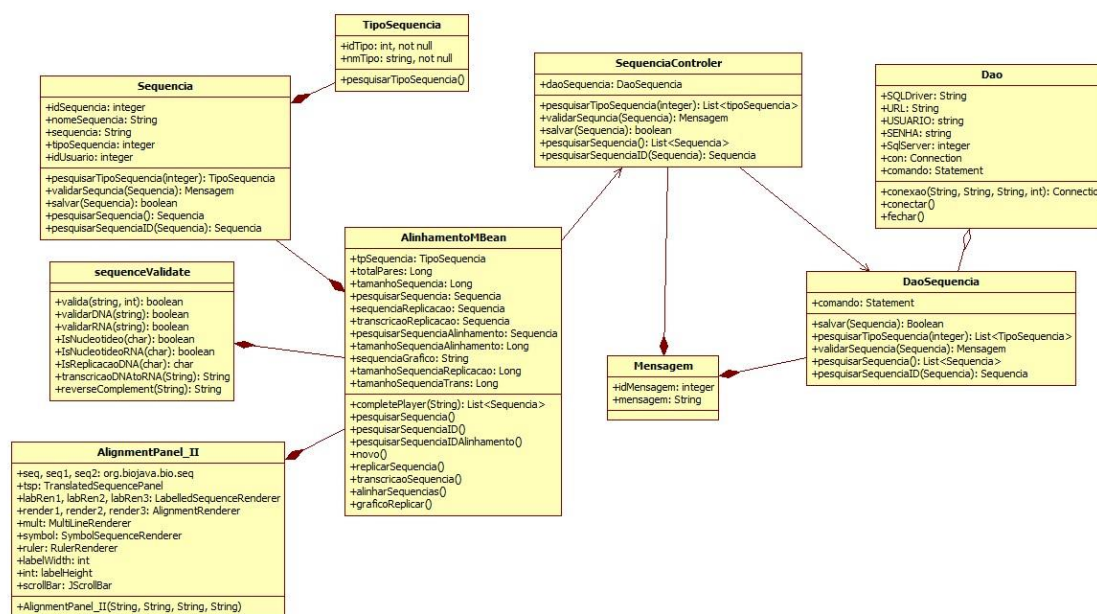


Figura 132 Diagrama de Classe – Transcrição de Sequência. Fonte: O Autor (2013)

Diagrama de Banco de dados

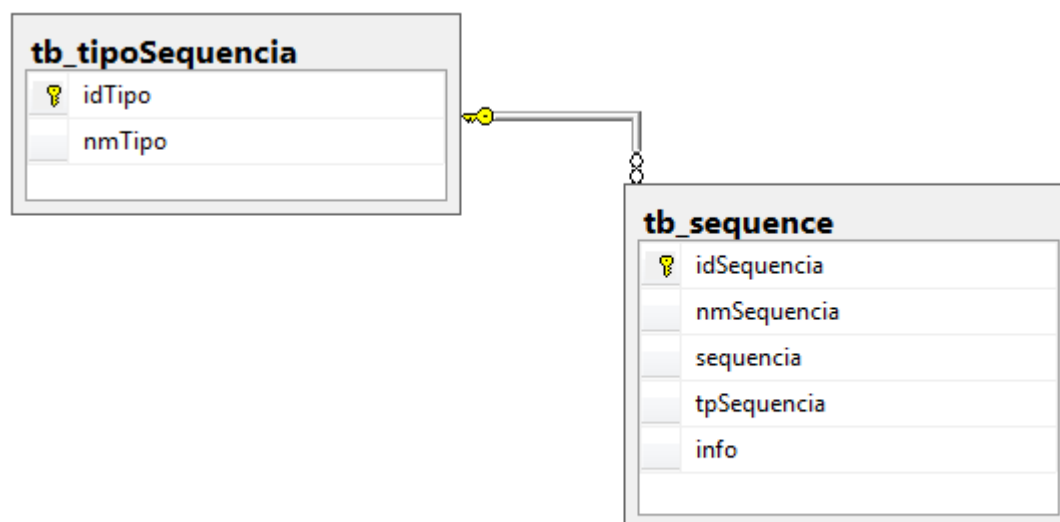


Figura 133 Diagrama de Banco de Dados – Transcrição de Sequência. Fonte: O Autor (2013)

COMANDOS SQL DO SISTEMA

USUÁRIO

USE BD_PROGEN

GO

```
-- =====
-- Template generated from Template Explorer using:
-- Create Procedure (New Menu).SQL
--
-- Use the Specify Values for Template Parameters
-- command (Ctrl-Shift-M) to fill in the parameter
-- values below.
--
-- This block of comments will not be included in
-- the definition of the procedure.
-- =====
```

DROP PROCEDURE DBO.PR_INSERTIR_USUARIO

SET ANSI_NULLS ON

GO

SET QUOTED_IDENTIFIER ON

GO

```
-- =====
-- Author: <Author,,Name>
-- Create date: <Create Date,,>
-- Description: <Description,,>
-- =====
```

CREATE PROCEDURE PR_INSERTIR_USUARIO

```
(
    @nomeUsuario nvarchar(50),
    @loginUsuario nvarchar(50),
    @perfil int
```

)

AS

BEGIN

```
-- SET NOCOUNT ON added to prevent extra result sets from
-- interfering with SELECT statements.
SET NOCOUNT ON;
```

```
--Buscar senha padrao
DECLARE @senhaPadrao varchar(20)
```

```
SELECT @senhaPadrao = tabParam.valorParametro
FROM
    DBO.TB_PARAMETRO tabParam WITH(NOLOCK)
WHERE tabParam.nmParametro = 'SENHA_INICIO';
```

```

        INSERT INTO dbo.tb_usuario
        (nomeUsuario
        ,loginUsuario
        ,senhaUsuario
        ,ativoUsuario
        ,idPerfil)
VALUES
    (@nomeUsuario,@loginUsuario,@senhaPadrao, 1, @perfil)

END
GO

GRANT EXECUTE ON DBO.PR_INSERTIR_USUARIO TO USUARIO

USE BD_PROGEN
GO
-- =====
-- Template generated from Template Explorer using:
-- Create Procedure (New Menu).SQL
--
-- Use the Specify Values for Template Parameters
-- command (Ctrl-Shift-M) to fill in the parameter
-- values below.
-- EXEC PR_REINICIAR_SENHA_USUARIO 1
-- This block of comments will not be included in
-- the definition of the procedure.
-- =====

DROP PROCEDURE dbo.PR_ATIVAR_USUARIO
GO

SET ANSI_NULLS ON
GO
SET QUOTED_IDENTIFIER ON
GO
-- =====
-- Author:                <Author,,Name>
-- Create date: <Create Date,,>
-- Description:  <Description,,>
-- EXEC PR_REINICIAR_SENHA_USUARIO 1
-- =====
CREATE PROCEDURE PR_ATIVAR_USUARIO
(
    @ID_USUARIO INT,
    @ATIVO char(1)
)
AS

```

```

BEGIN
    -- SET NOCOUNT ON added to prevent extra result sets from
    -- interfering with SELECT statements.
    SET NOCOUNT ON;

    DECLARE @SET_ATIVO INT
    SELECT @SET_ATIVO = ativoUsuario
    FROM DBO.tb_usuario

    IF (@SET_ATIVO = 1)
    BEGIN
        SET @SET_ATIVO = 0
    END
    ELSE
        BEGIN
            SET @SET_ATIVO = 1
        END
    -- Insert statements for procedure here
    UPDATE DBO.tb_usuario
    SET @ATIVO = @ATIVO
    WHERE idUsuario = @ID_USUARIO

END
GO

GRANT EXECUTE ON DBO.PR_ATIVAR_USUARIO TO USUARIO

USE BD_PROGEN
GO
-- =====
-- Template generated from Template Explorer using:
-- Create Procedure (New Menu).SQL
--
-- Use the Specify Values for Template Parameters
-- command (Ctrl-Shift-M) to fill in the parameter
-- values below.
-- EXEC PR_REINICIAR_SENHA_USUARIO 1
-- This block of comments will not be included in
-- the definition of the procedure.
-- =====

DROP PROCEDURE dbo.PR_REINICIAR_SENHA_USUARIO
GO

SET ANSI_NULLS ON
GO
SET QUOTED_IDENTIFIER ON
GO
-- =====
-- Author:                <Author,,Name>

```

```

-- Create date: <Create Date,,>
-- Description: <Description,,>
-- EXEC PR_REINICIAR_SENHA_USUARIO 1
-- =====
CREATE PROCEDURE PR_REINICIAR_SENHA_USUARIO
    (
        @ID_USUARIO INT
    )
AS
BEGIN
    -- SET NOCOUNT ON added to prevent extra result sets from
    -- interfering with SELECT statements.
    SET NOCOUNT ON;

    DECLARE @SENHA VARCHAR(20)
    -- PROCURAR PARAMETRO
    SELECT @SENHA = tabParam.valorParametro
    FROM
        DBO.TB_PARAMETRO tabParam WITH(NOLOCK)
    WHERE tabParam.nmParametro = 'SENHA_INICIO';

    -- Insert statements for procedure here
    UPDATE DBO.tb_usuario
    SET senhaUsuario = @SENHA
    WHERE idUsuario = @ID_USUARIO

END
GO

GRANT EXECUTE ON DBO.PR_REINICIAR_SENHA_USUARIO TO
USUARIO

USE BD_PROGEN
GO
-- =====
-- Template generated from Template Explorer using:
-- Create Procedure (New Menu).SQL
--
-- Use the Specify Values for Template Parameters
-- command (Ctrl-Shift-M) to fill in the parameter
-- values below.
--
-- This block of comments will not be included in
-- the definition of the procedure.
-- =====

DROP PROCEDURE dbo.PR_SELECIONAR_PERFIL
GO

SET ANSI_NULLS ON

```

```

GO
SET QUOTED_IDENTIFIER ON
GO
-- =====
-- Author:                <Author,,Name>
-- Create date: <Create Date,,>
-- Description:  <Description,,>
-- exec PR_SELECCIONAR_SECUENCIA
-- =====
CREATE PROCEDURE PR_SELECCIONAR_PERFIL

AS
BEGIN
    -- SET NOCOUNT ON added to prevent extra result sets from
    -- interfering with SELECT statements.
    SET NOCOUNT ON;

    -- Insert statements for procedure here
    SELECT TAB.idPerfil,
           TAB.nmPerfil
    FROM DBO.tb_perfil_usuario TAB WITH(NOLOCK)
END
GO

GRANT EXECUTE ON DBO.PR_SELECCIONAR_PERFIL TO USUARIO

use BD_PROGEN
go
-- =====
-- Template generated from Template Explorer using:
-- Create Procedure (New Menu).SQL
--
-- Use the Specify Values for Template Parameters
-- command (Ctrl-Shift-M) to fill in the parameter
-- values below.
--
-- This block of comments will not be included in
-- the definition of the procedure.
-- exec [PR_SELECCIONAR_USUARIO]
-- =====

DROP PROCEDURE [dbo].[PR_SELECCIONAR_USUARIO]
GO

SET ANSI_NULLS ON
GO
SET QUOTED_IDENTIFIER ON
GO
-- =====
-- Author:                <Author,,Name>

```

```

-- Create date: <Create Date,,>
-- Description: <Description,,>
-- =====
CREATE PROCEDURE PR_SELECIONAR_USUARIO
    --(
    --@nomeUsuario VARCHAR(50),
    --@loginUsuario VARCHAR(15)
    --)
AS
BEGIN
    -- SET NOCOUNT ON added to prevent extra result sets from
    -- interfering with SELECT statements.
    SET NOCOUNT ON;

    -- Insert statements for procedure here
    SELECT TAB_USUARIO.nomeUsuario,
           TAB_USUARIO.loginUsuario,
           TAB_USUARIO.senhaUsuario,
           TAB_USUARIO.ativoUsuario,
           TAB_USUARIO.idUsuario,
           p.nmPerfil
    FROM DBO.tb_usuario TAB_USUARIO WITH(NOLOCK)
    INNER JOIN DBO.TB_PERFIL_USUARIO P WITH(NOLOCK)
    ON P.IdPerfil =TAB_USUARIO.idPerfil
END
GO

GRANT EXECUTE ON DBO.PR_SELECIONAR_USUARIO TO USUARIO

USE BD_PROGEN
GO
-- =====
-- Template generated from Template Explorer using:
-- Create Procedure (New Menu).SQL
--
-- Use the Specify Values for Template Parameters
-- command (Ctrl-Shift-M) to fill in the parameter
-- values below.
-- EXEC PR_REINICIAR_SENHA_USUARIO 1
-- This block of comments will not be included in
-- the definition of the procedure.
-- =====

DROP PROCEDURE dbo.PR_TROCAR_SENHA_USUARIO
GO

SET ANSI_NULLS ON
GO
SET QUOTED_IDENTIFIER ON
GO

```

```

-- =====
-- Author:                <Author,,Name>
-- Create date: <Create Date,,>
-- Description:  <Description,,>
-- EXEC PR_TROCAR_SENHA_USUARIO 'AAALVES', '1234'
-- =====
CREATE PROCEDURE PR_TROCAR_SENHA_USUARIO
    (
        @LOGIN_USUARIO VARCHAR(20),
        @SENHA VARCHAR(20)
    )
AS
BEGIN
    -- SET NOCOUNT ON added to prevent extra result sets from
    -- interfering with SELECT statements.
    SET NOCOUNT ON;

    -- Insert statements for procedure here
    UPDATE DBO.tb_usuario
    SET senhaUsuario = @SENHA
    WHERE loginUsuario = @LOGIN_USUARIO

END
GO

GRANT EXECUTE ON DBO.PR_TROCAR_SENHA_USUARIO TO USUARIO

use BD_PROGEN
go
-- =====
-- Template generated from Template Explorer using:
-- Create Procedure (New Menu).SQL
--
-- Use the Specify Values for Template Parameters
-- command (Ctrl-Shift-M) to fill in the parameter
-- values below.
--
-- This block of comments will not be included in
-- the definition of the procedure.
-- =====

DROP PROCEDURE [dbo].PR_VALIDAR_SENHA_USUARIO
GO

SET ANSI_NULLS ON
GO
SET QUOTED_IDENTIFIER ON
GO
-- =====

```

```

-- Author:          <Author,,Name>
-- Create date: <Create Date,,>
-- Description:  <Description,,>
--EXEC PR_VALIDAR_SENHA_USUARIO 'AAALVES',123
-- =====
CREATE PROCEDURE PR_VALIDAR_SENHA_USUARIO
    (
        @loginUsuario VARCHAR(50),
        @senhaUsuario VARCHAR(15)
    )
AS
BEGIN
    -- SET NOCOUNT ON added to prevent extra result sets from
    -- interfering with SELECT statements.
    SET NOCOUNT ON;

    -- Insert statements for procedure here
    SELECT TAB_USUARIO.nomeUsuario,
           TAB_USUARIO.loginUsuario,
           TAB_USUARIO.senhaUsuario,
           TAB_USUARIO.ativoUsuario,
           TAB_USUARIO.idUsuario
    FROM DBO.tb_usuario TAB_USUARIO WITH(NOLOCK)
    WHERE TAB_USUARIO.loginUsuario = @loginUsuario AND
           TAB_USUARIO.senhaUsuario = @senhaUsuario AND
           TAB_USUARIO.ativoUsuario = 1

END
GO

GRANT EXECUTE ON DBO.PR_VALIDAR_SENHA_USUARIO TO USUARIO

```


SEQUENCIA

```
USE BD_PROGEN
```

```
GO
```

```
-- =====
-- Template generated from Template Explorer using:
-- Create Procedure (New Menu).SQL
--
-- Use the Specify Values for Template Parameters
-- command (Ctrl-Shift-M) to fill in the parameter
-- values below.
--
-- This block of comments will not be included in
-- the definition of the procedure.
-- =====
```

```
DROP PROCEDURE DBO.PR_INSERTIR_SEQUENCE
```

```
SET ANSI_NULLS ON
```

```
GO
```

```
SET QUOTED_IDENTIFIER ON
```

```
GO
```

```
-- =====
-- Author: <Author,,Name>
-- Create date: <Create Date,,>
-- Description: <Description,,>
-- =====
```

```
CREATE PROCEDURE PR_INSERTIR_SEQUENCE
```

```
(
    @nmSequencia nvarchar(50),
    @sequencia text,
    @tpSequencia int ,
    @informacao varchar(1000),
    @id int,
    @IdUsuario int
)
```

```
AS
```

```
BEGIN
```

```
    -- SET NOCOUNT ON added to prevent extra result sets from
    -- interfering with SELECT statements.
```

```
    SET NOCOUNT ON;
```

```
    if (@id = 0)
```

```
    BBegin
```

```
    INSERT INTO dbo.tb_sequence
```

```
    (nmSequencia
```

```
    ,sequencia
```

```
    ,tpSequencia
```

```
    ,info
```

```

        ,idUsuarioCadastro)
VALUES
    (@nmSequencia, @sequencia, @tpSequencia, @informacao, @IdUsuario
)
    end
    else
    begin
        UPDATE dbo.tb_sequence
        SET nmSequencia = @nmSequencia,
            sequencia = @sequencia,
            info= @informacao
        WHERE idSequencia = @id
    end
END
GO

```

GRANT EXECUTE ON DBO.PR_INSERTIR_SEQUENCIA TO USUARIO

USE BD_PROGEN
GO

```

-- =====
-- Template generated from Template Explorer using:
-- Create Procedure (New Menu).SQL
--
-- Use the Specify Values for Template Parameters
-- command (Ctrl-Shift-M) to fill in the parameter
-- values below.
--
-- This block of comments will not be included in
-- the definition of the procedure.
-- =====

```

DROP PROCEDURE dbo.PR_PESQUISAR_TIPO_SEQUENCIA
GO

SET ANSI_NULLS ON
GO
SET QUOTED_IDENTIFIER ON
GO

```

-- =====
-- Author:                <Author,,Name>
-- Create date: <Create Date,,>
-- Description:  <Description,,>
-- =====
CREATE PROCEDURE PR_PESQUISAR_TIPO_SEQUENCIA
(
    @id VARCHAR(15)
)

```

```

AS
BEGIN
    -- SET NOCOUNT ON added to prevent extra result sets from
    -- interfering with SELECT statements.
    SET NOCOUNT ON;

    if (@id = 0)
    begin
        SELECT TAB_SEQUENCIA.idTipo,
               TAB_SEQUENCIA.nmTipo
        FROM DBO.tb_tipoSequencia TAB_SEQUENCIA WITH(NOLOCK)
    end
    else
    begin
        -- Insert statements for procedure here
        SELECT TAB_SEQUENCIA.idTipo,
               TAB_SEQUENCIA.nmTipo
        FROM DBO.tb_tipoSequencia TAB_SEQUENCIA WITH(NOLOCK)
        WHERE TAB_SEQUENCIA.idTipo = @id
    end
END
GO

GRANT EXECUTE ON DBO.PR_PESQUISAR_TIPO_SEQUENCIA TO
USUARIO

USE BD_PROGEN
GO
-- =====
-- Template generated from Template Explorer using:
-- Create Procedure (New Menu).SQL
--
-- Use the Specify Values for Template Parameters
-- command (Ctrl-Shift-M) to fill in the parameter
-- values below.
--
-- This block of comments will not be included in
-- the definition of the procedure.
-- =====

DROP PROCEDURE dbo.PR_SELECIONAR_SEQUENCIA
GO

SET ANSI_NULLS ON
GO
SET QUOTED_IDENTIFIER ON
GO
-- =====
-- Author:                <Author,,Name>
-- Create date: <Create Date,,>

```

```

-- Description:  <Description,,>
-- exec PR_SELECIONAR_SEQUENCIA
-- =====
CREATE PROCEDURE PR_SELECIONAR_SEQUENCIA

AS
BEGIN
    -- SET NOCOUNT ON added to prevent extra result sets from
    -- interfering with SELECT statements.
    SET NOCOUNT ON;

    -- Insert statements for procedure here
    SELECT TAB_SEQUENCIA.idSequencia,
           TAB_SEQUENCIA.nmSequencia
    FROM DBO.tb_sequence TAB_SEQUENCIA WITH(NOLOCK)
END
GO

GRANT EXECUTE ON DBO.PR_SELECIONAR_SEQUENCIA TO USUARIO

USE BD_PROGEN
GO
-- =====
-- Template generated from Template Explorer using:
-- Create Procedure (New Menu).SQL
--
-- Use the Specify Values for Template Parameters
-- command (Ctrl-Shift-M) to fill in the parameter
-- values below.
--
-- This block of comments will not be included in
-- the definition of the procedure.
-- =====

DROP PROCEDURE dbo.PR_SELECIONAR_SEQUENCIA_ID
GO

SET ANSI_NULLS ON
GO
SET QUOTED_IDENTIFIER ON
GO
-- =====
-- Author:                <Author,,Name>
-- Create date: <Create Date,,>
-- Description:  <Description,,>
-- exec PR_SELECIONAR_SEQUENCIA_ID 1002
-- =====
CREATE PROCEDURE PR_SELECIONAR_SEQUENCIA_ID
(
    @idSequencia int

```

```

)

AS
BEGIN
    -- SET NOCOUNT ON added to prevent extra result sets from
    -- interfering with SELECT statements.
    SET NOCOUNT ON;

    -- Insert statements for procedure here
    SELECT TAB_SEQUENCIA.idSequencia,
           TAB_SEQUENCIA.nmSequencia,
           TAB_SEQUENCIA.sequencia,
           TAB_SEQUENCIA.tpSequencia,
           TAB_TP_SEQ.nmTipo,
           TAB_SEQUENCIA.info
    FROM DBO.tb_sequence TAB_SEQUENCIA WITH(NOLOCK)
    INNER JOIN DBO.tb_tipoSequencia TAB_TP_SEQ WITH(NOLOCK)
ON
    TAB_TP_SEQ.idTipo = TAB_SEQUENCIA.tpSequencia
    WHERE TAB_SEQUENCIA.idSequencia = @idSequencia
END
GO

GRANT EXECUTE ON DBO.PR_SELECIONAR_SEQUENCIA_ID TO
USUARIO

USE BD_PROGEN
GO
-- =====
-- Template generated from Template Explorer using:
-- Create Procedure (New Menu).SQL
--
-- Use the Specify Values for Template Parameters
-- command (Ctrl-Shift-M) to fill in the parameter
-- values below.
--
-- This block of comments will not be included in
-- the definition of the procedure.
-- =====

DROP PROCEDURE dbo.PR_SELECIONAR_TIPO_SEQUENCIA
GO

SET ANSI_NULLS ON
GO
SET QUOTED_IDENTIFIER ON
GO
-- =====
-- Author:                <Author,,Name>
-- Create date: <Create Date,,>

```

```

-- Description:  <Description,,>
-- =====
CREATE PROCEDURE PR_SELECCIONAR_TIPO_SECUENCIA

AS
BEGIN
    -- SET NOCOUNT ON added to prevent extra result sets from
    -- interfering with SELECT statements.
    SET NOCOUNT ON;

    -- Insert statements for procedure here
    SELECT TAB_SECUENCIA.idTipo,
           TAB_SECUENCIA.nmTipo
    FROM DBO.tb_tipoSequencia TAB_SECUENCIA WITH(NOLOCK)
END
GO

GRANT EXECUTE ON DBO.PR_SELECCIONAR_TIPO_SECUENCIA TO
USUARIO

USE BD_PROGEN
GO
-- =====
-- Template generated from Template Explorer using:
-- Create Procedure (New Menu).SQL
--
-- Use the Specify Values for Template Parameters
-- command (Ctrl-Shift-M) to fill in the parameter
-- values below.
--
-- This block of comments will not be included in
-- the definition of the procedure.
-- =====

DROP PROCEDURE DBO.PR_VALIDAR_SECUENCIA
SET ANSI_NULLS ON
GO
SET QUOTED_IDENTIFIER ON

GO
-- =====
-- Author:          <Author,,Name>
-- Create date:    <Create Date,,>
-- Description:    <Description,,>
-- =====
CREATE PROCEDURE PR_VALIDAR_SECUENCIA
(
    @nmSequencia nvarchar(50),
    @sequence nvarchar(4000))

```

```

AS
BEGIN
    -- SET NOCOUNT ON added to prevent extra result sets from
    -- interfering with SELECT statements.
    SET NOCOUNT ON;

    SELECT s.idSequencia,'Nome'
    FROM dbo.tb_sequence s WITH(NOLOCK)
    WHERE s.nmSequencia = @nmSequencia
    union all
    SELECT s.idSequencia , 'Sequencia'
    FROM dbo.tb_sequence s WITH(NOLOCK)
    WHERE s.sequencia = @sequence

END
GO

GRANT EXECUTE ON DBO.PR_VALIDAR_SEQUENCE TO USUARIO

PARAMETROS

USE BD_PROGEN
GO

-- INSERT PARAMETROS
INSERT INTO DBO.TB_PARAMETRO (nmParametro, valorParametro)
VALUES ('SENHA_INICIO','123');

INSERT INTO DBO.tb_perfil_usuario (idPerfil, nmPerfil)
VALUES (1, 'ADMIN');
INSERT INTO DBO.tb_perfil_usuario (idPerfil, nmPerfil)
VALUES (2,'OPERADOR');

USE [BD_PROGEN]
GO

INSERT INTO [dbo].[tb_tipoSequencia]
    ([nmTipo])
VALUES
    ('DNA')
INSERT INTO [dbo].[tb_tipoSequencia]
    ([nmTipo])
VALUES
    ('RNA')
GO

```

DOCUMENTAÇÃO DO PROJETO

WBS

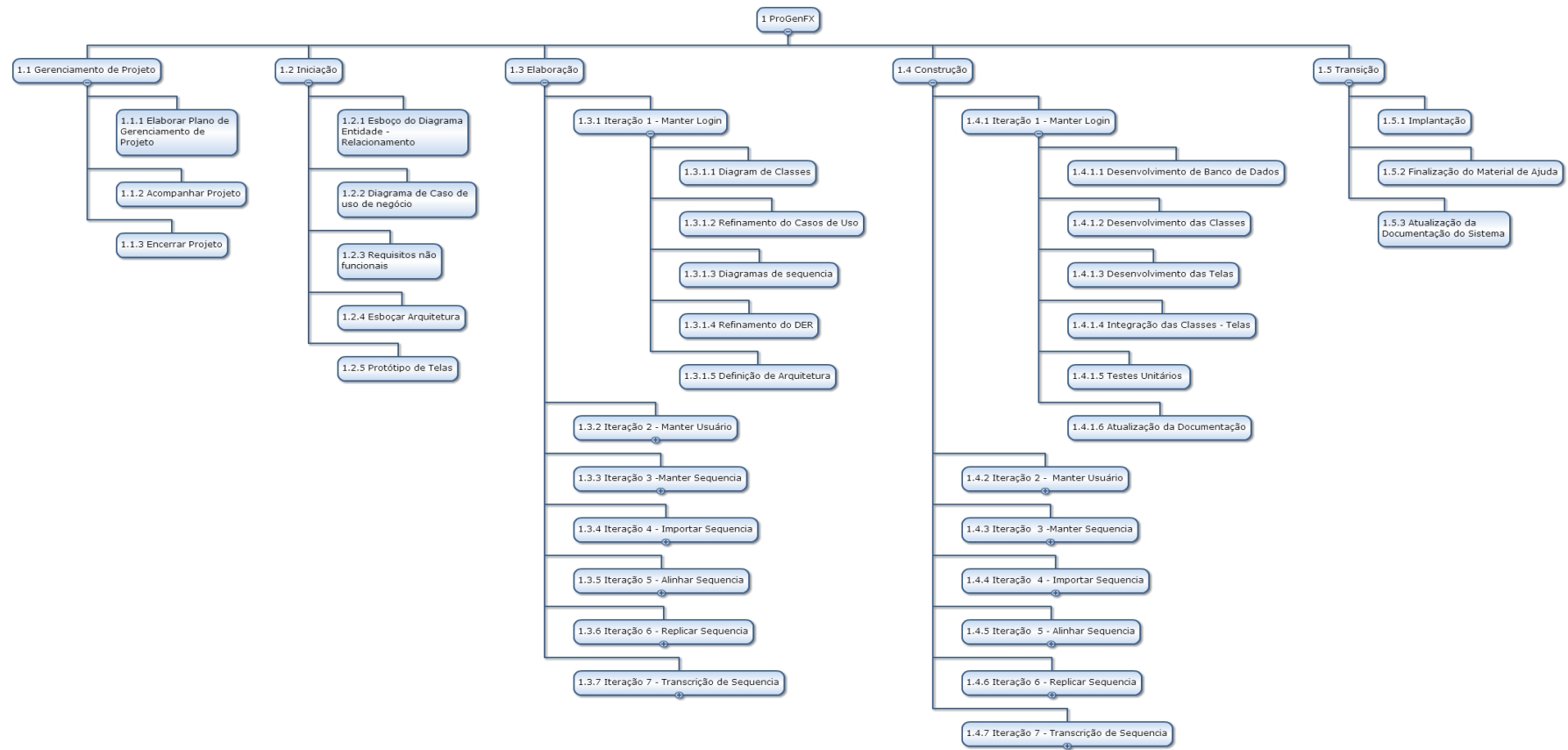


Figura 134 WBS. Fonte: O Autor (2014)

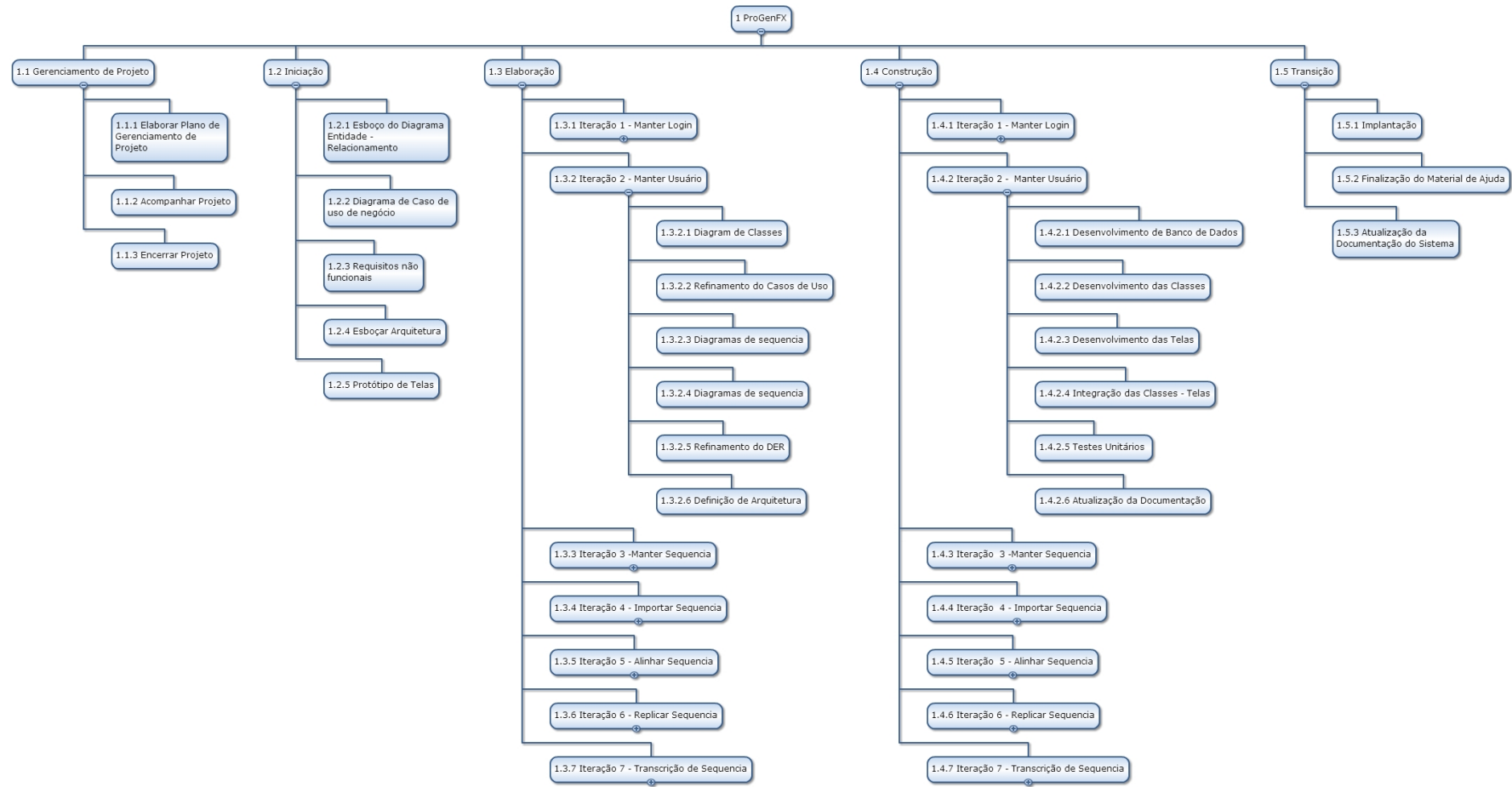


Figura 135 WBS. Fonte: O Autor (2014)

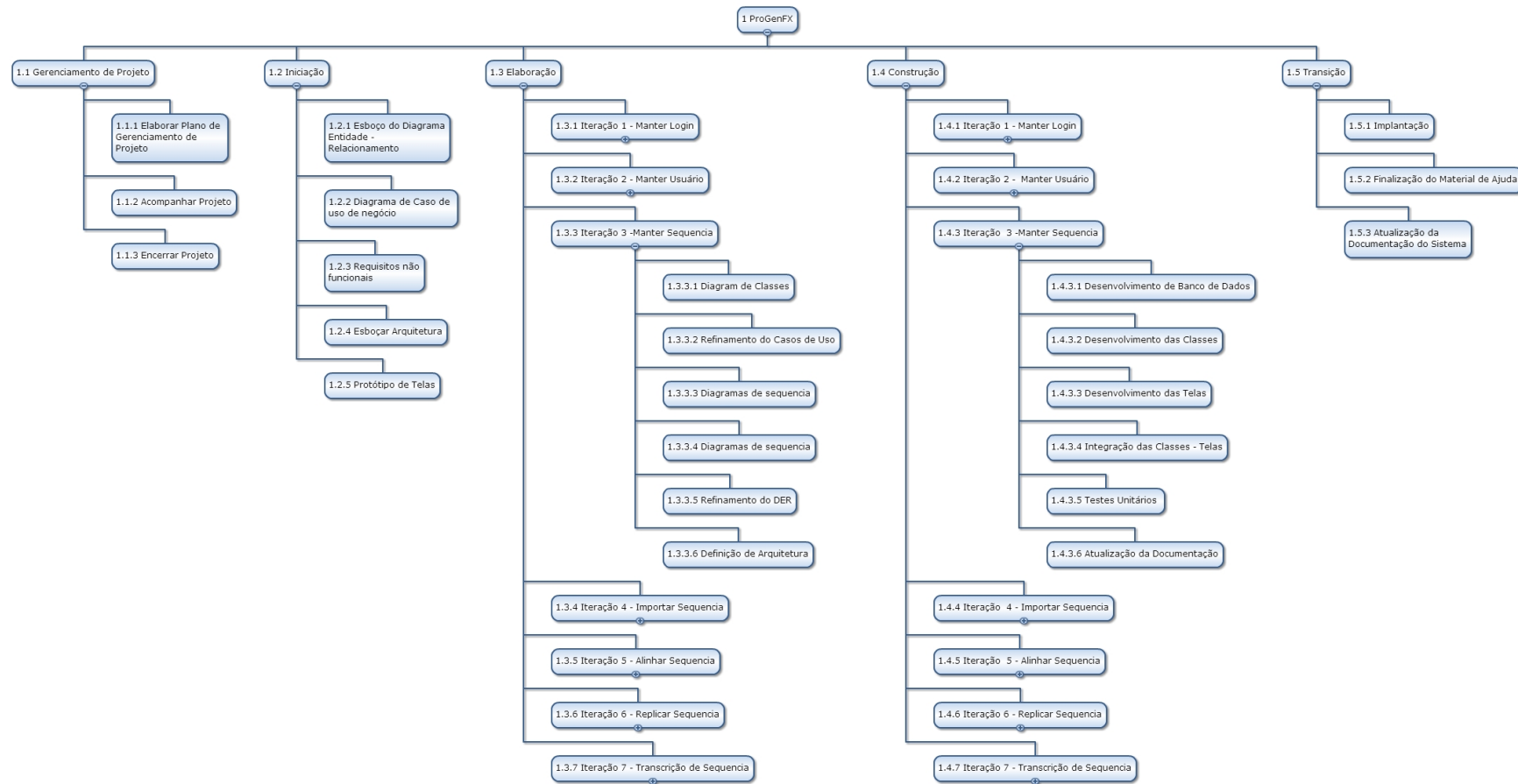


Figura 136 WBS. Fonte: O Autor (2014)

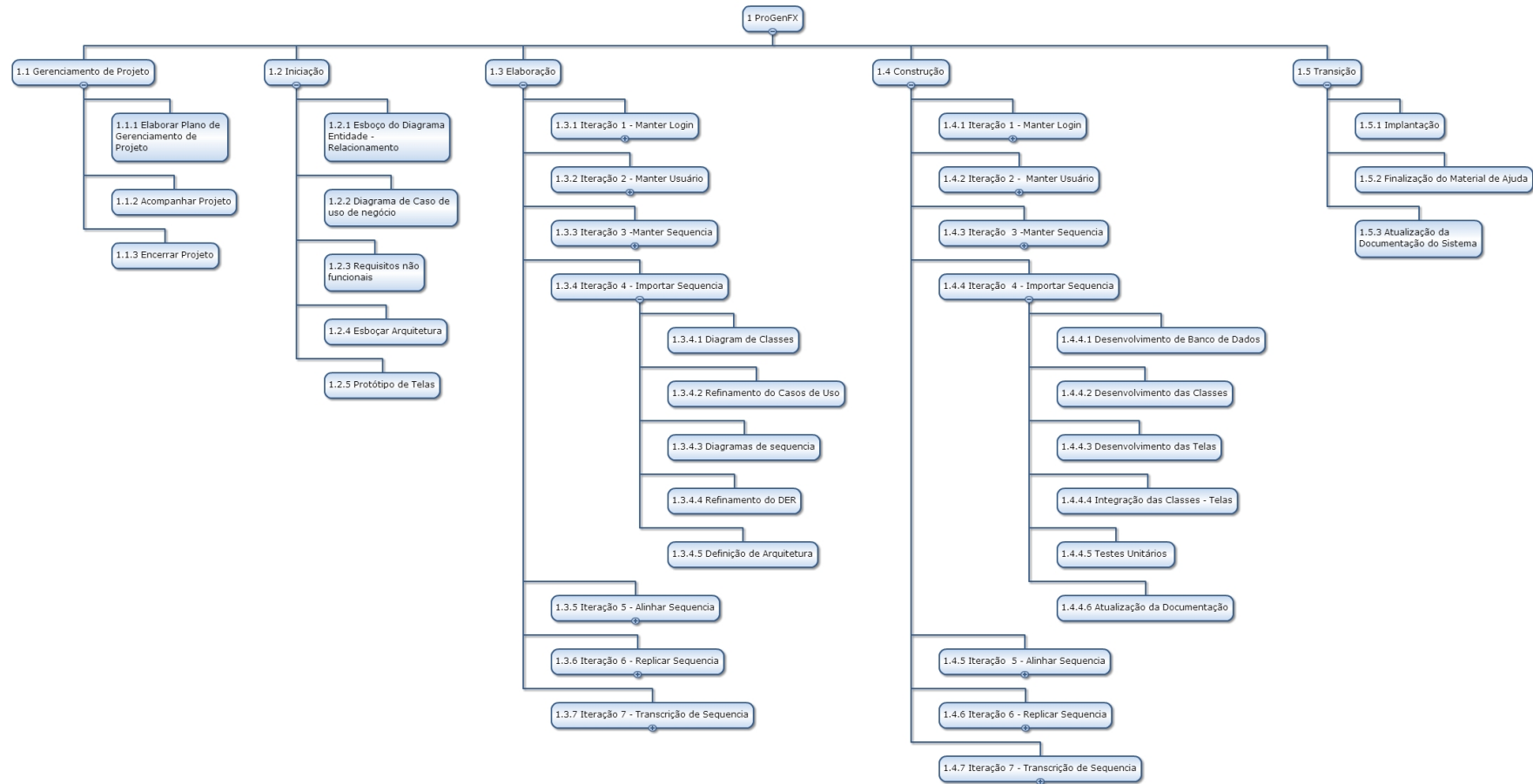


Figura 137 WBS. Fonte: O Autor (2014)

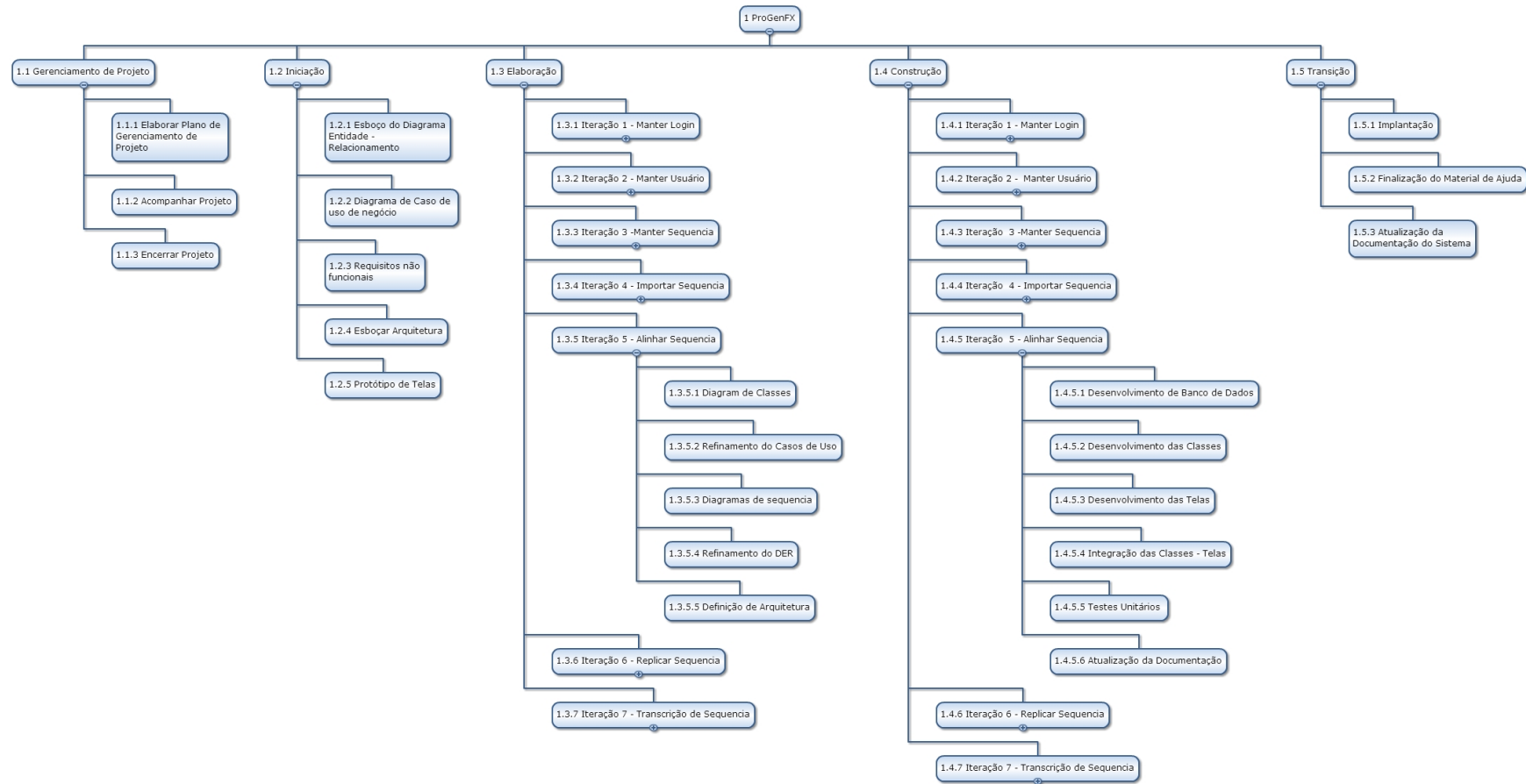


Figura 138 WBS. Fonte: O Autor (2014)

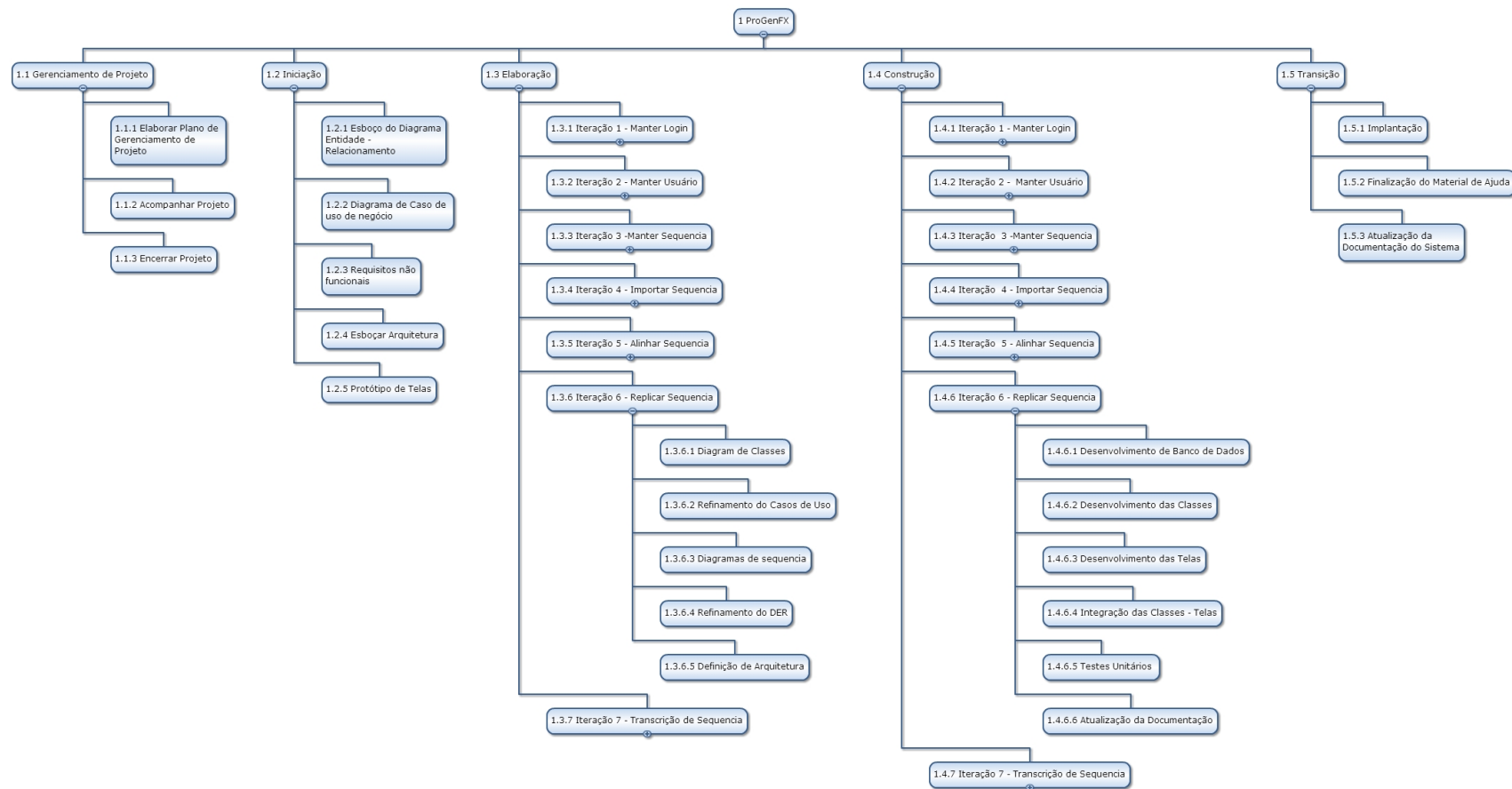


Figura 139 WBS. Fonte: O Autor (2014)

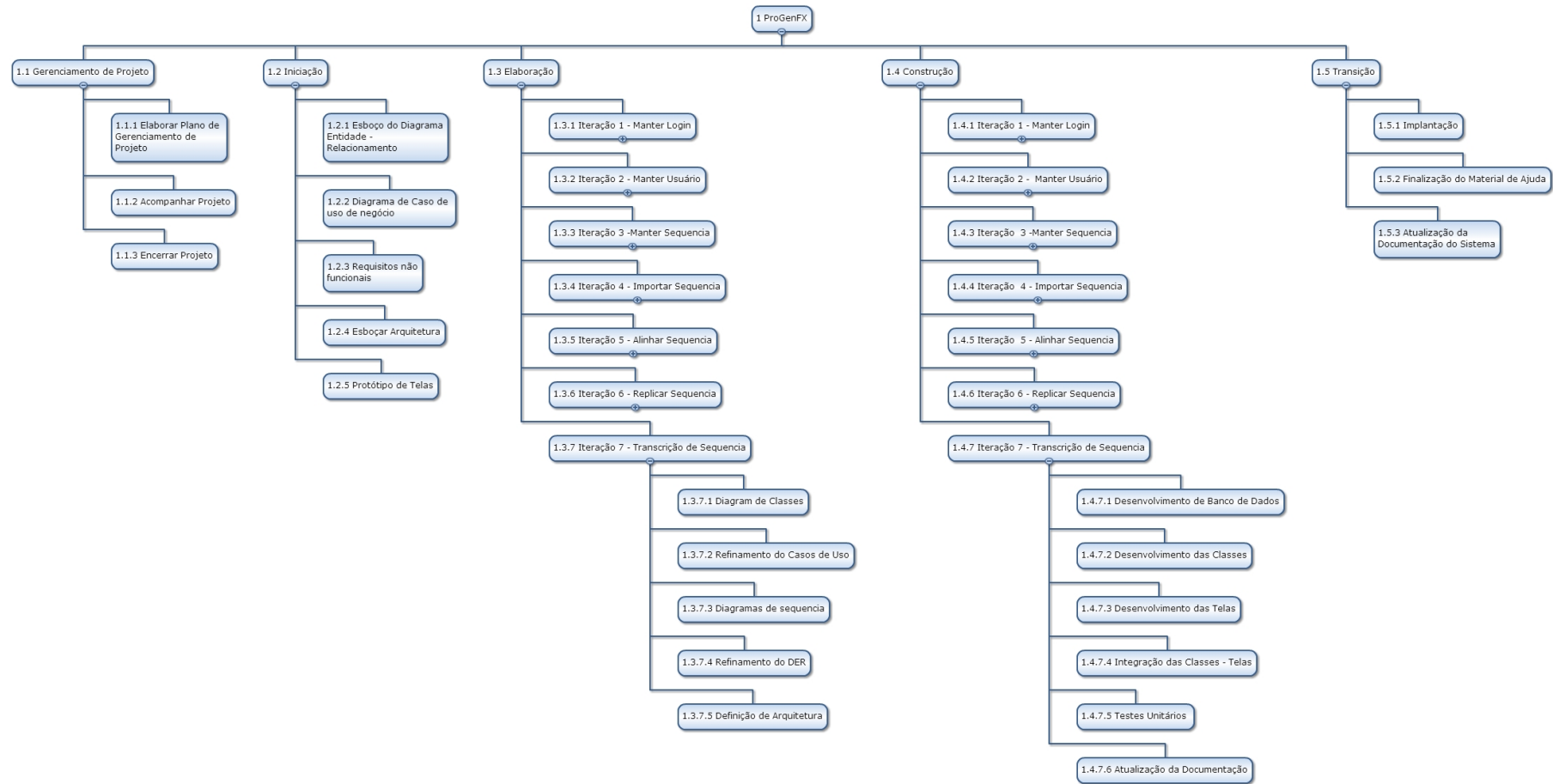












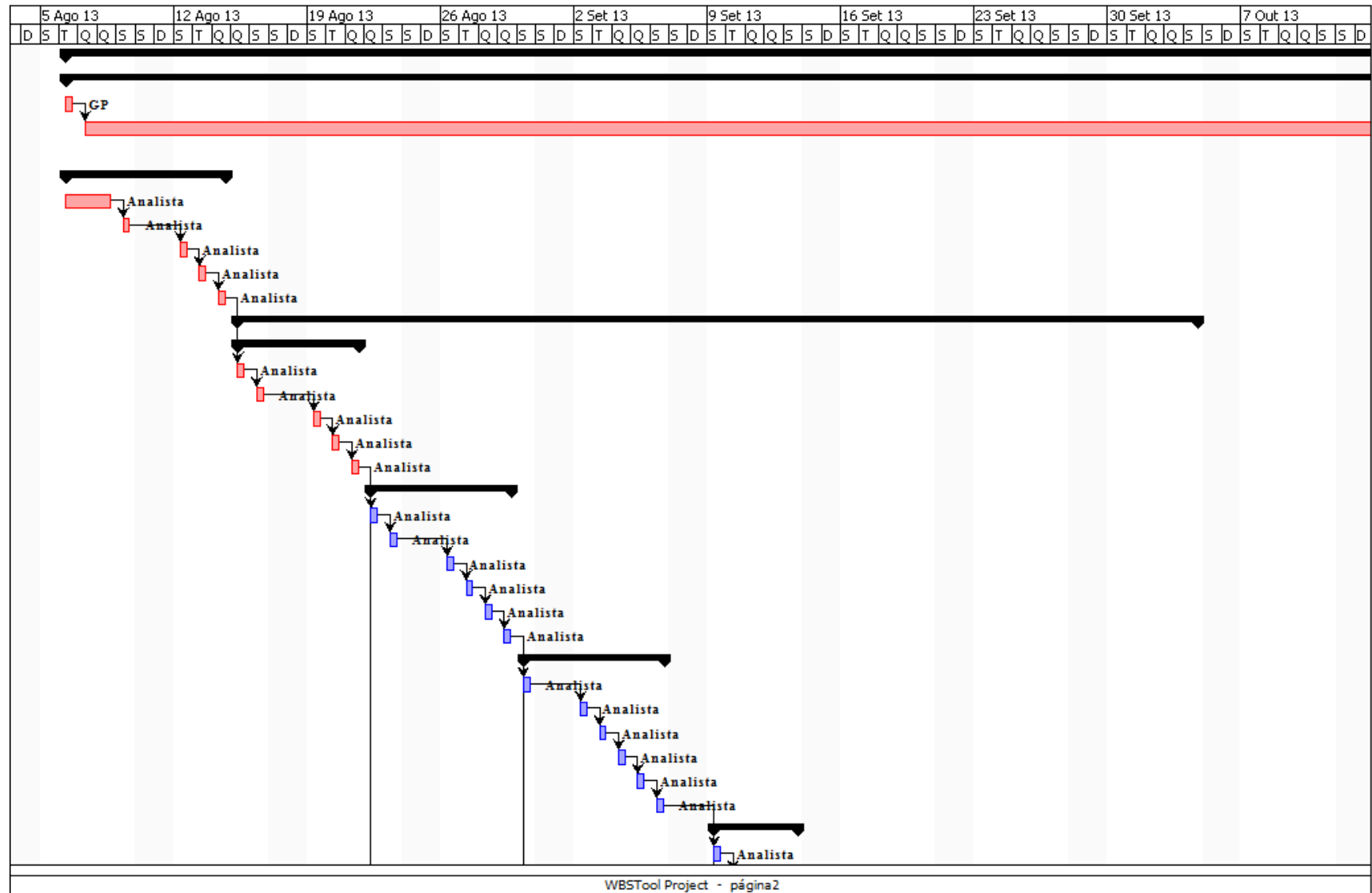
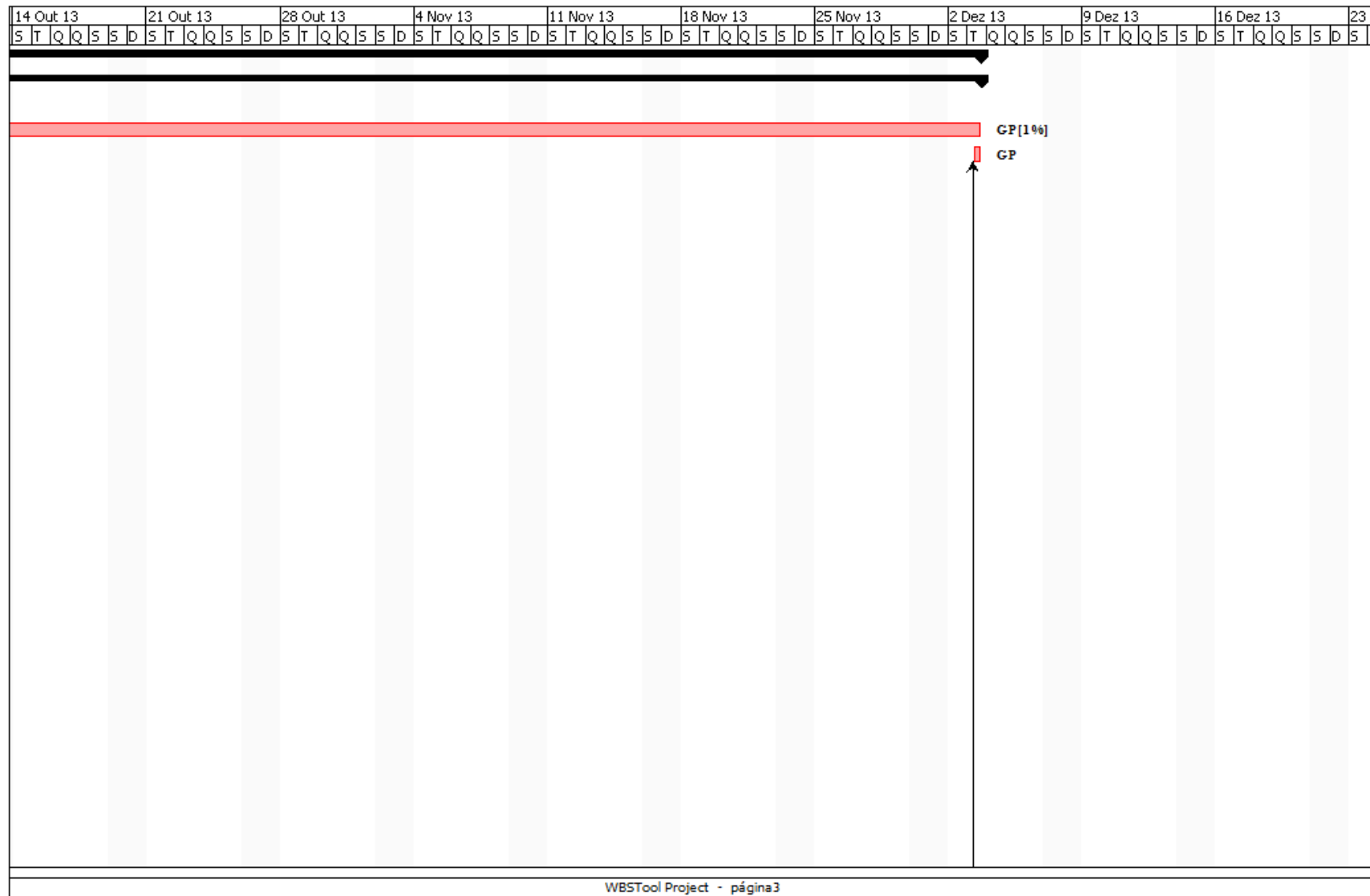



Figura 140 WBS. Fonte: O Autor (2014)

Cronograma do Projeto

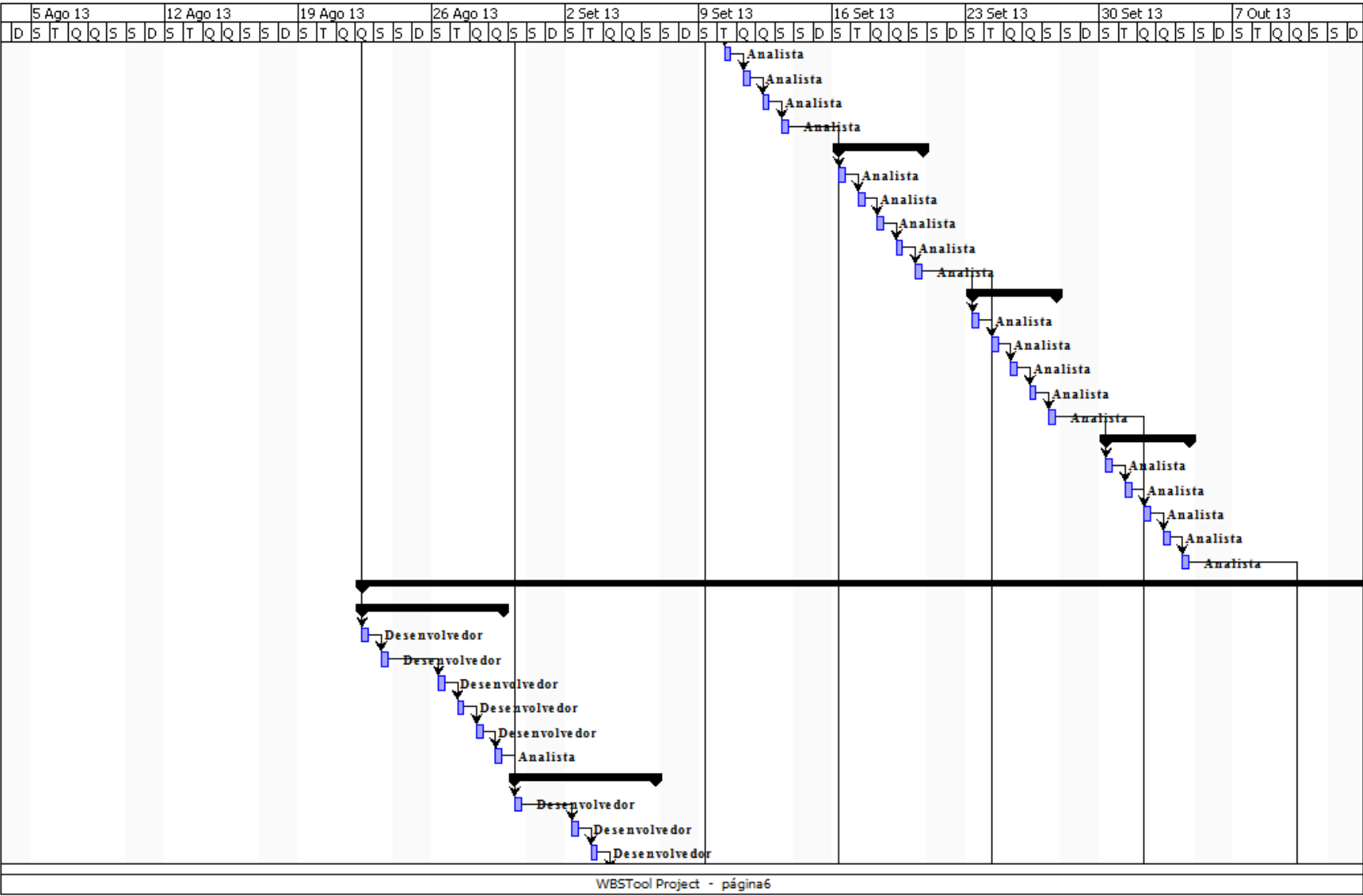
		Nome	Duração	Início	Término	Predecessoras	Nome do Recurso
1		ProGenFX	86 dias?	06/08/13 08:00	03/12/13 17:00		
2		Gerenciamento de Projeto	86 dias?	06/08/13 08:00	03/12/13 17:00		
3		Elaborar Plano de Gerenciamento de Projeto	1 dia?	06/08/13 08:00	06/08/13 17:00		GP
4		Acompanhar Projeto	85 dias?	07/08/13 08:00	03/12/13 17:00	3	GP[1%]
5		Encerrar Projeto	1 dia?	03/12/13 07:00	03/12/13 17:00	110	GP
6		Iniciação	7 dias?	06/08/13 08:00	14/08/13 17:00		
7		Esboço do Diagrama Entidade - Relacionamento	3 dias?	06/08/13 08:00	08/08/13 17:00		Analista
8		Diagrama de Caso de uso de negócio	1 dia?	09/08/13 08:00	09/08/13 17:00	7	Analista
9		Requisitos não funcionais	1 dia?	12/08/13 08:00	12/08/13 17:00	8	Analista
10		Esboçar Arquitetura	1 dia?	13/08/13 08:00	13/08/13 17:00	9	Analista
11		Protótipo de Telas	1 dia?	14/08/13 08:00	14/08/13 17:00	10	Analista
12		Elaboração	37 dias?	15/08/13 08:00	04/10/13 17:00		
13		Iteração 1 - Manter Login	5 dias?	15/08/13 08:00	21/08/13 17:00		
14		Diagram de Classes	1 dia?	15/08/13 08:00	15/08/13 17:00	11	Analista
15		Refinamento do Casos de Uso	1 dia?	16/08/13 08:00	16/08/13 17:00	14	Analista
16		Diagramas de sequencia	1 dia?	19/08/13 08:00	19/08/13 17:00	15	Analista
17		Refinamento do DER	1 dia?	20/08/13 08:00	20/08/13 17:00	16	Analista
18		Definição de Arquitetura	1 dia?	21/08/13 08:00	21/08/13 17:00	17	Analista
19		Iteração 2 - Manter Usuário	6 dias?	22/08/13 08:00	29/08/13 17:00		
20		Diagram de Classes	1 dia?	22/08/13 08:00	22/08/13 17:00	18	Analista
21		Refinamento do Casos de Uso	1 dia?	23/08/13 08:00	23/08/13 17:00	20	Analista
22		Diagramas de sequencia	1 dia?	26/08/13 08:00	26/08/13 17:00	21	Analista
23		Diagramas de sequencia	1 dia?	27/08/13 08:00	27/08/13 17:00	22	Analista
24		Refinamento do DER	1 dia?	28/08/13 08:00	28/08/13 17:00	23	Analista
25		Definição de Arquitetura	1 dia?	29/08/13 08:00	29/08/13 17:00	24	Analista
26		Iteração 3 - Manter Sequencia	6 dias?	30/08/13 08:00	06/09/13 17:00		
27		Diagram de Classes	1 dia?	30/08/13 08:00	30/08/13 17:00	25	Analista
28		Refinamento do Casos de Uso	1 dia?	02/09/13 08:00	02/09/13 17:00	27	Analista
29		Diagramas de sequencia	1 dia?	03/09/13 08:00	03/09/13 17:00	28	Analista
30		Diagramas de sequencia	1 dia?	04/09/13 08:00	04/09/13 17:00	29	Analista
31		Refinamento do DER	1 dia?	05/09/13 08:00	05/09/13 17:00	30	Analista
32		Definição de Arquitetura	1 dia?	06/09/13 08:00	06/09/13 17:00	31	Analista
33		Iteração 4 - Importar Sequencia	5 dias?	09/09/13 08:00	13/09/13 17:00		
34		Diagram de Classes	1 dia?	09/09/13 08:00	09/09/13 17:00	32	Analista



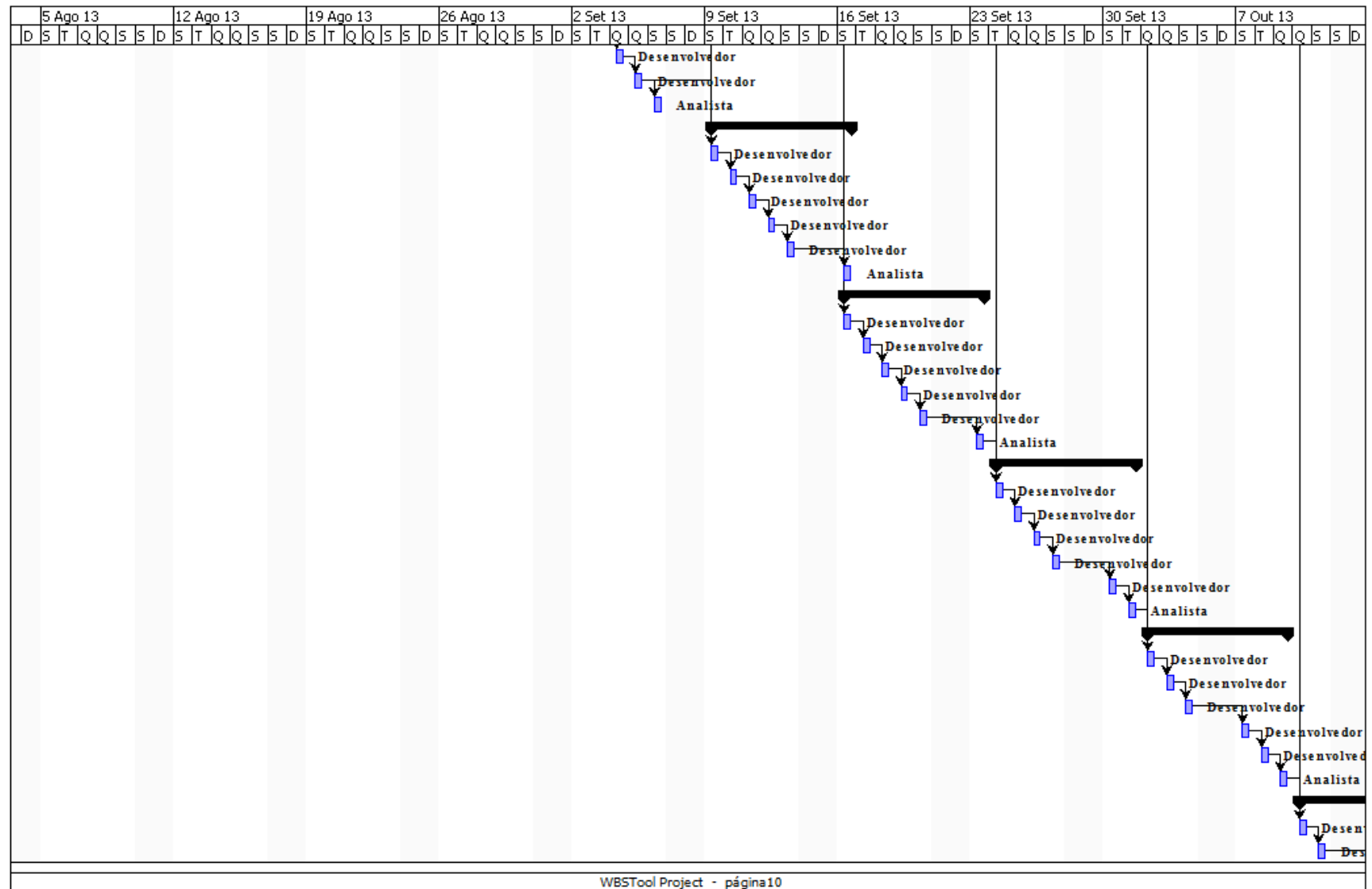


		Nome	Duração	Início	Término	Predecessoras	Nome do Recurso
35		Refinamento do Casos de Uso	1 dia?	10/09/13 08:00	10/09/13 17:00	34	Analista
36		Diagramas de sequencia	1 dia?	11/09/13 08:00	11/09/13 17:00	35	Analista
37		Refinamento do DER	1 dia?	12/09/13 08:00	12/09/13 17:00	36	Analista
38		Definição de Arquitetura	1 dia?	13/09/13 08:00	13/09/13 17:00	37	Analista
39		Iteração 5 - Alinhar Sequencia	5 dias?	16/09/13 08:00	20/09/13 17:00		
40		Diagram de Classes	1 dia?	16/09/13 08:00	16/09/13 17:00	38	Analista
41		Refinamento do Casos de Uso	1 dia?	17/09/13 08:00	17/09/13 17:00	40	Analista
42		Diagramas de sequencia	1 dia?	18/09/13 08:00	18/09/13 17:00	41	Analista
43		Refinamento do DER	1 dia?	19/09/13 08:00	19/09/13 17:00	42	Analista
44		Definição de Arquitetura	1 dia?	20/09/13 08:00	20/09/13 17:00	43	Analista
45		Iteração 6 - Replicar Sequencia	5 dias?	23/09/13 08:00	27/09/13 17:00		
46		Diagram de Classes	1 dia?	23/09/13 08:00	23/09/13 17:00	44	Analista
47		Refinamento do Casos de Uso	1 dia?	24/09/13 08:00	24/09/13 17:00	46	Analista
48		Diagramas de sequencia	1 dia?	25/09/13 08:00	25/09/13 17:00	47	Analista
49		Refinamento do DER	1 dia?	26/09/13 08:00	26/09/13 17:00	48	Analista
50		Definição de Arquitetura	1 dia?	27/09/13 08:00	27/09/13 17:00	49	Analista
51		Iteração 7 - Transcrição de Sequencia	5 dias?	30/09/13 08:00	04/10/13 17:00		
52		Diagram de Classes	1 dia?	30/09/13 08:00	30/09/13 17:00	50	Analista
53		Refinamento do Casos de Uso	1 dia?	01/10/13 08:00	01/10/13 17:00	52	Analista
54		Diagramas de sequencia	1 dia?	02/10/13 08:00	02/10/13 17:00	53	Analista
55		Refinamento do DER	1 dia?	03/10/13 08:00	03/10/13 17:00	54	Analista
56		Definição de Arquitetura	1 dia?	04/10/13 08:00	04/10/13 17:00	55	Analista
57		Construção	41 dias?	22/08/13 08:00	17/10/13 17:00		
58		Iteração 1 - Manter Login	6 dias?	22/08/13 08:00	29/08/13 17:00		
59		Desenvolvimento de Banco de Dados	1 dia?	22/08/13 08:00	22/08/13 17:00	18	Desenvolvedor
60		Desenvolvimento das Classes	1 dia?	23/08/13 08:00	23/08/13 17:00	59	Desenvolvedor
61		Desenvolvimento das Telas	1 dia?	26/08/13 08:00	26/08/13 17:00	60	Desenvolvedor
62		Integração das Classes - Telas	1 dia?	27/08/13 08:00	27/08/13 17:00	61	Desenvolvedor
63		Testes Unitários	1 dia?	28/08/13 08:00	28/08/13 17:00	62	Desenvolvedor
64		Atualização da Documentação	1 dia?	29/08/13 08:00	29/08/13 17:00	63	Analista
65		Iteração 2 - Manter Usuário	6 dias?	30/08/13 08:00	06/09/13 17:00		
66		Desenvolvimento de Banco de Dados	1 dia?	30/08/13 08:00	30/08/13 17:00	25;64	Desenvolvedor
67		Desenvolvimento das Classes	1 dia?	02/09/13 08:00	02/09/13 17:00	66	Desenvolvedor
68		Desenvolvimento das Telas	1 dia?	03/09/13 08:00	03/09/13 17:00	67	Desenvolvedor

WBSTool Project - página 5



	⊗	Nome	Duração	Início	Término	Predecessoras	Nome do Recurso
69		Integração das Classes - Telas	1 dia?	04/09/13 08:00	04/09/13 17:00	68	Desenvolvedor
70		Testes Unitários	1 dia?	05/09/13 08:00	05/09/13 17:00	69	Desenvolvedor
71		Atualização da Documentação	1 dia?	06/09/13 08:00	06/09/13 17:00	70	Analista
72		Iteração 3 - Manter Sequencia	6 dias?	09/09/13 08:00	16/09/13 17:00		
73		Desenvolvimento de Banco de Dados	1 dia?	09/09/13 08:00	09/09/13 17:00	32;70	Desenvolvedor
74		Desenvolvimento das Classes	1 dia?	10/09/13 08:00	10/09/13 17:00	73	Desenvolvedor
75		Desenvolvimento das Telas	1 dia?	11/09/13 08:00	11/09/13 17:00	74	Desenvolvedor
76		Integração das Classes - Telas	1 dia?	12/09/13 08:00	12/09/13 17:00	75	Desenvolvedor
77		Testes Unitários	1 dia?	13/09/13 08:00	13/09/13 17:00	76	Desenvolvedor
78		Atualização da Documentação	1 dia?	16/09/13 08:00	16/09/13 17:00	77	Analista
79		Iteração 4 - Importar Sequencia	6 dias?	16/09/13 08:00	23/09/13 17:00		
80		Desenvolvimento de Banco de Dados	1 dia?	16/09/13 08:00	16/09/13 17:00	38;77	Desenvolvedor
81		Desenvolvimento das Classes	1 dia?	17/09/13 08:00	17/09/13 17:00	80	Desenvolvedor
82		Desenvolvimento das Telas	1 dia?	18/09/13 08:00	18/09/13 17:00	81	Desenvolvedor
83		Integração das Classes - Telas	1 dia?	19/09/13 08:00	19/09/13 17:00	82	Desenvolvedor
84		Testes Unitários	1 dia?	20/09/13 08:00	20/09/13 17:00	83	Desenvolvedor
85		Atualização da Documentação	1 dia?	23/09/13 08:00	23/09/13 17:00	84	Analista
86		Iteração 5 - Alinhar Sequencia	6 dias?	24/09/13 08:00	01/10/13 17:00		
87		Desenvolvimento de Banco de Dados	1 dia?	24/09/13 08:00	24/09/13 17:00	44;85	Desenvolvedor
88		Desenvolvimento das Classes	1 dia?	25/09/13 08:00	25/09/13 17:00	87	Desenvolvedor
89		Desenvolvimento das Telas	1 dia?	26/09/13 08:00	26/09/13 17:00	88	Desenvolvedor
90		Integração das Classes - Telas	1 dia?	27/09/13 08:00	27/09/13 17:00	89	Desenvolvedor
91		Testes Unitários	1 dia?	30/09/13 08:00	30/09/13 17:00	90	Desenvolvedor
92		Atualização da Documentação	1 dia?	01/10/13 08:00	01/10/13 17:00	91	Analista
93		Iteração 6 - Replicar Sequencia	6 dias?	02/10/13 08:00	09/10/13 17:00		
94		Desenvolvimento de Banco de Dados	1 dia?	02/10/13 08:00	02/10/13 17:00	50;92	Desenvolvedor
95		Desenvolvimento das Classes	1 dia?	03/10/13 08:00	03/10/13 17:00	94	Desenvolvedor
96		Desenvolvimento das Telas	1 dia?	04/10/13 08:00	04/10/13 17:00	95	Desenvolvedor
97		Integração das Classes - Telas	1 dia?	07/10/13 08:00	07/10/13 17:00	96	Desenvolvedor
98		Testes Unitários	1 dia?	08/10/13 08:00	08/10/13 17:00	97	Desenvolvedor
99		Atualização da Documentação	1 dia?	09/10/13 08:00	09/10/13 17:00	98	Analista
100		Iteração 7 - Transcrição de Sequencia	6 dias?	10/10/13 08:00	17/10/13 17:00		
101		Desenvolvimento de Banco de Dados	1 dia?	10/10/13 08:00	10/10/13 17:00	56;99	Desenvolvedor
102		Desenvolvimento das Classes	1 dia?	11/10/13 08:00	11/10/13 17:00	101	Desenvolvedor



[illegible]

	🕒	Nome	Duração	Início	Término	Predecessoras	Nome do Recurso
103		Desenvolvimento das Telas	1 dia?	14/10/13 08:00	14/10/13 17:00	102	Desenvolvedor
104		Integração das Classes - Telas	1 dia?	15/10/13 08:00	15/10/13 17:00	103	Desenvolvedor
105		Testes Unitários	1 dia?	16/10/13 08:00	16/10/13 17:00	104	Desenvolvedor
106		Atualização da Documentação	1 dia?	17/10/13 08:00	17/10/13 17:00	105	Analista
107		☐ Transição	31 dias?	18/10/13 08:00	29/11/13 17:00		
108		Implantação	19 dias?	18/10/13 08:00	13/11/13 17:00	106	GP[99%]
109		Finalização do Material de Ajuda	7 dias?	14/11/13 08:00	22/11/13 17:00	108	GP[99%]
110		Atualização da Documentação do Sistema	5 dias?	25/11/13 08:00	29/11/13 17:00	109	GP[99%]

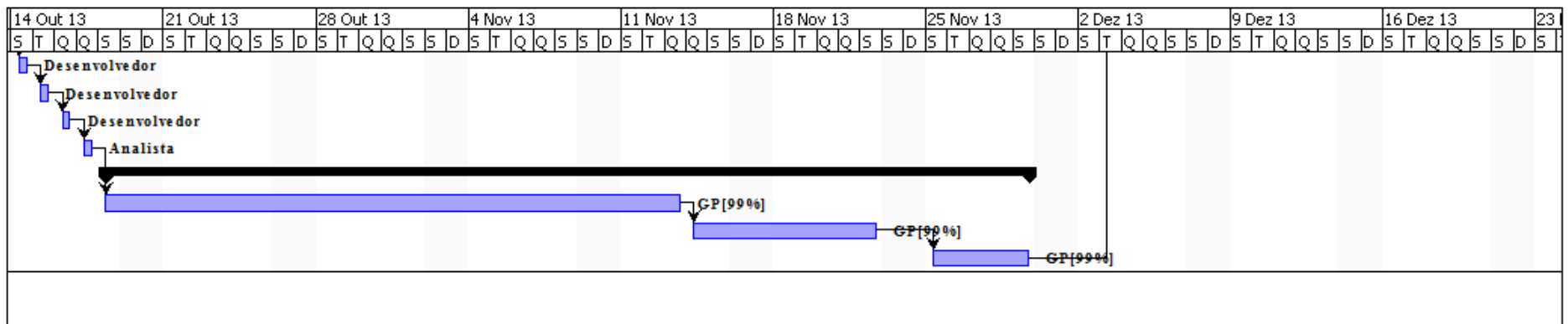


Figura 141 Cronograma. Fonte: O Autor (2014)

Tabela de Custos

Tabelas 10 - Tabela de Custos

Recurso	Custo	QTDE Recursos
Gerente de Projeto	R\$ 231,93	1
Analista Funcional	R\$ 160,54	1
Programador Pleno	R\$ 90,87	1

Número	Dados da Atividade		Alocação e Respective Custos e Recursos			Total por Atividade
	Atividade	Esforço Estimado (hh)	Gerente de Projetos	Analista Funcional II	Programador Pleno	
1	Gerenciamento do Projeto					
2	Elaborar Plano de Gerenciamento do Projeto	4,00	x			R\$ 927,72
3	Acompanhar Projeto	10,15	x			R\$ 2.354,09
4	Encerrar Projeto	8,00	x			R\$ 1.855,44
5	Iniciação					

6	Esboço do Diagrama Entidade-Relacionamento	2,00		x		R\$ 321,08
7	Diagrama de Casos de Uso de Negócio	4,00		x		R\$ 642,16
8	Descrição dos Casos de Uso de Negócio	8,00		x		R\$ 1.284,32
9	Requisitos não funcionais	4,00		x		R\$ 642,16
10	Esboçar Arquitetura	16,00		x		R\$ 2.568,64
11	Protótipo das Telas	2,00		x		R\$ 321,08
12	Elaboração					
13	Iteração 1 - Manter Login					
14	Diagrama de Classes	2,00		x		R\$ 321,08
15	Refinamento dos Casos de Uso	16,00		x		R\$ 2.568,64
16	Diagramas de Sequência	2,00		x		R\$ 321,08
17	Refinamento do DER	2,00		x		R\$ 321,08
18	Definição da Arquitetura	2,00		x		R\$ 321,08
19	Iteração 2 - Manter Usuário					
20	Diagrama de Classes	2,00		x		R\$ 321,08
21	Refinamento dos Casos de Uso	2,00		x		R\$ 321,08
22	Diagramas de Sequência	2,00		x		R\$ 321,08
23	Refinamento do DER	2,00		x		R\$ 321,08
24	Validação dos Requisitos	2,00		x		R\$ 321,08

25	Iteração 3 -Manter Sequencia					
26	Diagrama de Classes	2,00		x		R\$ 321,08
27	Refinamento dos Casos de Uso	2,00		x		R\$ 321,08
28	Diagramas de Sequência	2,00		x		R\$ 321,08
29	Refinamento do DER	2,00		x		R\$ 321,08
30	Validação dos Requisitos	2,00		x		R\$ 321,08
31	Iteração 4 - Importar Sequencia					
32	Diagrama de Classes	2,00		x		R\$ 321,08
33	Refinamento dos Casos de Uso	2,00		x		R\$ 321,08
34	Diagramas de Sequência	2,00		x		R\$ 321,08
35	Refinamento do DER	2,00		x		R\$ 321,08
36	Validação dos Requisitos	2,00		x		R\$ 321,08
37	Iteração 5 -Alinhar Sequencia					
38	Diagrama de Classes	2,00		x		R\$ 321,08
39	Refinamento dos Casos de Uso	2,00		x		R\$ 321,08
40	Diagramas de Sequência	2,00		x		R\$ 321,08
41	Refinamento do DER	2,00		x		R\$ 321,08
42	Validação dos Requisitos	2,00		x		R\$ 321,08
43	Iteração 6 -Replicar Sequencia					

44	Diagrama de Classes	2,00		x		R\$ 321,08
45	Refinamento dos Casos de Uso	2,00		x		R\$ 321,08
46	Diagramas de Sequência	2,00		x		R\$ 321,08
47	Refinamento do DER	2,00		x		R\$ 321,08
48	Validação dos Requisitos	2,00		x		R\$ 321,08
43	Iteração 7 - Transcrição de Sequencia					
44	Diagrama de Classes	2,00		x		R\$ 321,08
45	Refinamento dos Casos de Uso	2,00		x		R\$ 321,08
46	Diagramas de Sequência	2,00		x		R\$ 321,08
47	Refinamento do DER	2,00		x		R\$ 321,08
48	Validação dos Requisitos	2,00		x		R\$ 321,08
49	Construção					
50	Iteração 1 - Manter Login					
51	Desenvolvimento do Banco de Dados	2,00			x	R\$ 181,74
52	Desenvolvimento das Classes	2,00			x	R\$ 181,74
53	Desenvolvimento das Telas	4,00			x	R\$ 363,48
54	Integração Classes-Telas	4,00			x	R\$ 363,48
55	Testes Unitários	4,00			x	R\$ 363,48
56	Atualização da Documentação	4,00			x	R\$ 363,48

57	Iteração 2 - Manter Usuário					
58	Desenvolvimento do Banco de Dados	2,00			x	R\$ 181,74
59	Desenvolvimento das Classes	2,00			x	R\$ 181,74
60	Desenvolvimento das Telas	4,00			x	R\$ 363,48
61	Integração Classes-Telas	4,00			x	R\$ 363,48
62	Testes Unitários	4,00			x	R\$ 363,48
63	Atualização da Documentação	4,00			x	R\$ 363,48
64	Iteração 3 - Manter Sequencia					
65	Desenvolvimento do Banco de Dados	2,00			x	R\$ 181,74
66	Desenvolvimento das Classes	2,00			x	R\$ 181,74
67	Desenvolvimento das Telas	2,00			x	R\$ 181,74
68	Integração Classes-Telas	4,00			x	R\$ 363,48
69	Testes Unitários	4,00			x	R\$ 363,48
70	Teste Integrados	4,00			x	R\$ 363,48
71	Atualização da Documentação	4,00			x	R\$ 363,48
72	Iteração 4 - Importar Sequencia					
73	Desenvolvimento do Banco de Dados	2,00			x	R\$ 181,74
74	Desenvolvimento das Classes	2,00			x	R\$ 181,74
75	Desenvolvimento das Telas	2,00			x	R\$ 181,74

76	Integração Classes-Telas	4,00			x	R\$ 363,48
77	Testes Unitários	4,00			x	R\$ 363,48
78	Teste Integrados	4,00			x	R\$ 363,48
79	Atualização da Documentação	4,00			x	R\$ 363,48
80	Iteração 5 - Alinhar Sequencia					
81	Desenvolvimento do Banco de Dados	2,00			x	R\$ 181,74
82	Desenvolvimento das Classes	2,00			x	R\$ 181,74
83	Desenvolvimento das Telas	2,00			x	R\$ 181,74
84	Integração Classes-Telas	4,00			x	R\$ 363,48
85	Testes Unitários	4,00			x	R\$ 363,48
86	Teste Integrados	4,00			x	R\$ 363,48
87	Atualização da Documentação	4,00			x	R\$ 363,48
88	Iteração 6 -Replicar Sequencia					
89	Desenvolvimento do Banco de Dados	2,00			x	R\$ 181,74
90	Desenvolvimento das Classes	2,00			x	R\$ 181,74
91	Desenvolvimento das Telas	2,00			x	R\$ 181,74
92	Integração Classes-Telas	4,00			x	R\$ 363,48
93	Testes Unitários	4,00			x	R\$ 363,48

